

Pigmente, die von einigen Algen, Pflanzen und Mikroorganismen als Sekundärmetabolite produziert werden.

AP20 Rec'd PCT/PTO 17 FEB 2006

5 Aufgrund ihrer farbgebenden Eigenschaften werden die Ketocarotinoide und insbesondere Astaxanthin als Pigmentierhilfsstoffe in der Tierernährung, insbesondere in der Forellen-, Lachs- und Shrimpszucht verwendet.

10 Ein wirtschaftliches biotechnologisches Verfahren zur Herstellung von natürlichen, biosynthetischen Produkten und insbesondere Carotinoiden ist daher von großer Bedeutung.

15 WO 0032788 beschreibt einige Carotinoid Biosynthesegene aus Pflanzen der Gattung Tagetes und offenbart, wie genetisch veränderte Pflanzen der Gattung Tagetes hergestellt werden könnten, um in den Petalen verschiedene Carotinoidprofile zu erhalten und damit gezielt bestimmte Carotinoide herzustellen. Dazu ist es nötig, einige Biosynthesegene überzuexprimieren und andere zu unterdrücken.

20 Zur Überexpression der neu gefundenen Carotinoid-Biosynthesegene in Pflanzen der Gattung Tagetes wird in WO 0032788 der petalenspezifische Promotor der Ketolase aus Adonis vernalis postuliert.

25 Aufgrund einer Vielzahl möglicher Schwierigkeiten bei der Überexpression bestimmter Gene besteht ein ständiges Bedürfnis, weitere Promotoren zur Verfügung zu stellen, die eine Expression von Genen in Pflanzen der Gattung Tagetes ermöglichen.

Der Erfindung lag daher die Aufgabe zu Grunde, weitere Promotoren zur Verfügung zu stellen, die die Expression von Genen in Pflanzen der Gattung Tagetes ermöglichen.

30 Demgemäß wurde gefunden, dass sich die Promotoren, ausgewählt aus der Gruppe

- 35
- A) EPSPS Promotor
 - B) B-Gene Promotor
 - C) PDS Promotor und
 - D) CHRC Promotor

sehr gut zur Expression von Genen in Pflanzen der Gattung Tagetes eignen, mit der Maßgabe, dass Gene aus Pflanzen der Gattung Tagetes, die in Wildtyppflanzen der Gattung Tagetes von dem jeweiligen Promotor exprimiert werden, ausgenommen sind.

Die Erfindung betrifft daher die Verwendung eines Promotors, ausgewählt aus der Gruppe

- A) EPSPS Promotor
- 5 B) B-Gene Promotor
- C) PDS Promotor und
- D) CHRC Promotor

- zur Expression von Genen in Pflanzen der Gattung Tagetes, mit der Maßgabe, dass
- 10 Gene aus Pflanzen der Gattung Tagetes, die in Wildtyppflanzen der Gattung Tagetes von dem jeweiligen Promotor exprimiert werden, ausgenommen sind.

- Benfey et al. (Plant Cell Volume 2, pp. 849-856) beschreiben den EPSPS Promotor aus Petunia als petalenspezifischen Promotor zur Expression von Genen in Petunia
- 15 hybrida.

- Ronen et al. (PNAS Volume 97, Number 20, 11102-11107 beschreiben den B-GENE Promotor aus Tomate als blütenspezifischen Promotor zur Expression von Genen in Tomaten.
- 20

- Corona et al. (Plant Journal Volume 9 Number 4 pp. 505-512), Mann et al. (Nature Biotechnology Volume 18 pp. 888-892) und Rosati et al. (Plant Journal Volume 24 Number 3 413-419) beschreiben den PDS Promotor aus Tomate als frucht- und blütenspezifischen Promotor zur Expression von Genen in Tomaten und Tabak.
- 25

- Vishnevetsky et al. (Plant Journal Volume 20 Number 4 pp. 423-431) beschreiben den CHRC Promotor aus Gurke als blütenspezifischen Promotor zur Expression von Genen in Gurke, und weiteren Pflanzen wie z.B. Nelke, Sonnenblume, Tabak.

- 30 Es sind weiterhin zahlreiche blütenspezifische Promotoren aus verschiedenen Organismen in der Literatur bekannt. Dabei wurde überraschend festgestellt, dass viele dieser Promotoren in Pflanzen der Gattung Tagetes nicht zur Expression, insbesondere nicht zur blütenspezifischen oder petalenspezifischen Expression von Genen führen.

- 35 Es war daher überraschend, dass sich die Promotoren, ausgewählt aus der Gruppe

- A) EPSPS Promotor
- B) B-Gene Promotor

C) PDS Promotor und

D) CHRC Promotor

- 5 sehr gut zur Expression, insbesondere zur blütenspezifischen und besonderes bevorzugt zur petalenspezifischen Expression von Genen in Pflanzen der Gattung Tagetes eignen.

- 10 Unter einem Promotor wird erfindungsgemäß eine Nukleinsäure mit Expressionsaktivität verstanden, also eine Nukleinsäure verstanden, die in funktioneller Verknüpfung mit einer zu exprimierenden Nukleinsäure, im folgenden auch Gen bezeichnet, die Expression, also die Transkription und die Translation dieser Nukleinsäure oder dieses Gens reguliert.

- 15 Unter „Transkription“ wird erfindungsgemäß der Prozess verstanden, durch den ausgehend von einer DNA-Matrize ein komplementäres RNA-Molekül hergestellt wird. An diesem Prozess sind Proteine wie die RNA-Polymerase, sogenannte Sigma-Faktoren und transkriptionelle Regulatorproteine beteiligt. Die synthetisierte RNA dient dann als Matrize im Prozess der Translation, der dann zum biosynthetisch aktiven Protein führt.

- 20 Unter einer „funktionellen Verknüpfung“ versteht man in diesem Zusammenhang beispielsweise die sequentielle Anordnung einer der erfindungsgemäßen Promotoren und einer zu exprimierenden Nukleinsäuresequenz und ggf. weiterer regulativer Elemente wie zum Beispiel einem Terminator derart, dass jedes der regulativen Elemente seine Funktion bei der Expression der Nukleinsäuresequenz erfüllen kann. Dazu ist nicht
25 unbedingt eine direkte Verknüpfung im chemischen Sinne erforderlich. Genetische Kontrollsequenzen, wie zum Beispiel Enhancer-Sequenzen, können ihre Funktion auch von weiter entfernten Positionen oder gar von anderen DNA-Molekülen aus auf die Zielsequenz ausüben. Bevorzugt sind Anordnungen, in denen die zu exprimierende Nukleinsäuresequenz oder das zu exprimierende Gen hinter (d.h. am 3'-Ende) der erfindungsgemäßen Promotorsequenz positioniert wird, so dass beide Sequenzen kova-
30 lent miteinander verbunden sind. Bevorzugt ist dabei der Abstand zwischen der Promotorsequenz und der zu exprimierende Nukleinsäuresequenz geringer als 200 Basenpaare, besonders bevorzugt kleiner als 100 Basenpaare, ganz besonders bevorzugt kleiner als 50 Basenpaare.

- 35 Unter „Expressionsaktivität“ wird erfindungsgemäß die in einer bestimmten Zeit durch den Promotor gebildete Menge Protein, also die Expressionsrate, verstanden.

Unter „spezifischer Expressionsaktivität“ wird erfindungsgemäß die in einer bestimmten Zeit durch den Promotor gebildete Menge Protein pro Promotor verstanden.

Bei einer „verursachten Expressionsaktivität“ oder „verursachten Expressionsrate“ im
5 Bezug auf ein Gen im Vergleich zum Wildtyp wird somit im Vergleich zum Wildtyp die Bildung eines Proteins verursacht, das im Wildtyp so nicht vorhanden war.

Bei einer „erhöhten Expressionsaktivität“ oder „erhöhten Expressionsrate“ im Bezug
10 auf ein Gen im Vergleich zum Wildtyp wird somit im Vergleich zum Wildtyp in einer bestimmten Zeit die gebildete Menge des Proteins erhöht.

Die Bildungsrate, mit der ein biosynthetisch aktives Protein hergestellt wird, ist ein Produkt aus der Rate der Transkription und der Translation. Beide Raten können erfindungsgemäß beeinflusst werden und damit die Rate der Bildung von Produkten in einem Mikroorganismus beeinflussen.
15

Die Bezeichnung „dass Gene aus Pflanzen der Gattung *Tagetes*, die in Wildtyppflanzen der Gattung *Tagetes* von dem „jeweiligen“ Promotor exprimiert werden, ausgenommen sind“, bedeutet, dass beispielsweise der EPSPS Promotor aus Pflanzen der
20 Gattung *Tagetes* nicht zur Expression von EPSPS-Genen aus Pflanzen der Gattung *Tagetes* verwendet wird. Dahingegen kann das EPSPS-Gen aus Pflanzen der Gattung *Tagetes* erfindungsgemäß durch einen B-Gene Promotor, PDS Promotor oder CHRC Promotor aus Pflanzen der Gattung *Tagetes* exprimiert werden.

25 Unter dem Begriff „Wildtyp“ oder „Wildtyppflanze“ wird erfindungsgemäß die entsprechende Ausgangspflanze der Gattung *Tagetes* verstanden.

Je nach Zusammenhang kann unter dem Begriff „Pflanze“ die Ausgangspflanze (Wildtyp) oder eine erfindungsgemäße, genetisch veränderte Pflanze der Gattung *Tagetes*
30 oder beides verstanden werden.

Vorzugsweise wird unter „Wildtyp“ für die Erhöhung oder Verursachung der Expressionsaktivität oder Expressionsrate und für die Erhöhung des Gehalts an biosynthetischen Produkten die Pflanze *Tagetes erecta*, insbesondere die Pflanze *Tagetes erecta*
35 *Hybrid 50011* (WO 02012438) als Referenzorganismus verstanden.

Unter einem „EPSPS Promotor“ werden Promotoren verstanden, die natürlicherweise in Organismen, vorzugsweise in Pflanzen, die Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine 5-Enolpyruvylshikimat-3-phosphatsynthase, regulieren, sowie von diesen
40 Promotorsequenzen durch Substitution, Insertion oder Deletion von Nukleotiden oder

durch Fragmentierung dieser Promotorsequenzen ableitbare Nukleinsäuresequenzen, die noch diese Expressionsaktivität aufweisen und somit funktionelle Äquivalente darstellen.

- 5 Diese EPSPS Promotorsequenzen aus anderen Organismen, insbesondere Pflanzen, als den nachstehend angegebenen Promotorsequenzen lassen sich insbesondere durch Homologievergleiche in Datenbanken oder Hybridisierungsstudien mit DNA-Bibliotheken verschiedener Organismen unter Verwendung der nachstehend beschriebenen EPSPS Promotorsequenzen oder den Nukleinsäuren, kodierend eine 5-Enolpyruvylshikimat-3-phosphatsynthase, auffinden.

Vorzugsweise werden dazu die Nukleinsäuren, kodierend eine 5-Enolpyruvylshikimat-3-phosphatsynthase, verwendet, da in der kodierenden Sequenz konservierte Bereiche häufiger sind als in der Promotorsequenz.

- 15 Unter einer 5-Enolpyruvylshikimat-3-phosphatsynthase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, Shikimat-3-Phosphat in 5-Enolpyruvylshikimat-3-Phosphat umzuwandeln.

- 20 Bevorzugte EPSPS Promotoren enthalten

A1) die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 1, 2 oder 3 oder

- A2) eine von diesen Sequenzen durch Substitution, Insertion oder Deletion von Nukleotiden abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 60 % auf Nukleinsäureebene mit der jeweiligen Sequenz SEQ. ID. NO. 1, 2 oder 3 aufweist oder

A3) eine Nukleinsäuresequenz, die mit der Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 1, 2 oder 3 unter stringenten Bedingungen hybridisiert oder

- A4) funktionell äquivalente Fragmente der Sequenzen unter A1), A2) oder A3)

Die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 1 stellt eine Promotorsequenz der 5-Enolpyruvylshikimat-3-phosphatsynthase (EPSPS) aus *Petunia hybrida* (AAH19653) dar.

Die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 2 stellt eine Promotorsequenz der 5-Enolpyruvylshikimat-3-phosphatsynthase (EPSPS) aus *Petunia hybrida* (M37029) dar.

Die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 3 stellt eine weitere Promotorsequenz der 5-Enolpyruvylshikimat-3-phosphatsynthase (EPSPS) aus *Petunia hybrida* dar.

Die Erfindung betrifft weiterhin EPSPS Promotoren, enthaltend eine von diesen Sequenzen (SEQ. ID. NO. 1, 2 oder 3) durch Substitution, Insertion oder Deletion von Nukleotiden abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 60 % auf Nukleinsäureebene mit der jeweiligen Sequenz SEQ. ID. NO. 1,2 oder 3 aufweist.

Weitere natürliche erfindungsgemäße Beispiele für erfindungsgemäße EPSPS Promotoren lassen sich beispielsweise aus verschiedenen Organismen, deren genomische Sequenz bekannt ist, durch Identitätsvergleiche der Nukleinsäuresequenzen aus Datenbanken mit den vorstehend beschriebenen Sequenzen SEQ ID NO: 1, 2 oder 3 leicht auffinden.

Künstliche erfindungsgemäße EPSPS Promotor-Sequenzen lassen sich ausgehend von den Sequenzen SEQ ID NO: 1, 2 oder 3 durch künstliche Variation und Mutation, beispielsweise durch Substitution, Insertion oder Deletion von Nukleotiden leicht auffinden.

Die folgenden Definition und Bedingungen der Identitätsvergleiche und Hybridisierungsbedingungen gelten für alle Nukleinsäuren, also alle Promotoren und Gene der Beschreibung.

Unter dem Begriff "Substitution" ist der Austausch einer oder mehrerer Nukleotide durch ein oder mehrere Nukleotide zu verstehen. „Deletion“ ist das Ersetzen eines Nukleotides durch eine direkte Bindung. Insertionen sind Einfügungen von Nukleotiden in die Nukleinsäuresequenz, wobei formal eine direkte Bindung durch ein oder mehrere Nukleotide ersetzt wird.

Unter Identität zwischen zwei Nukleinsäuren wird die Identität der Nukleotide über die jeweils gesamte Nukleinsäurelänge verstanden, insbesondere die Identität die durch Vergleich mit Hilfe der Vector NTI Suite 7.1 Software der Firma Informax (USA) unter Anwendung der Clustal Methode (Higgins DG, Sharp PM. Fast and sensitive multiple sequence alignments on a microcomputer. Comput Appl. Biosci. 1989 Apr;5(2):151-1) unter Einstellung folgender Parameter berechnet wird:

Multiple alignment parameter:
Gap opening penalty 10
Gap extension penalty 10
Gap separation penalty range 8
Gap separation penalty off
% identity for alignment delay 40

Residue specific gaps off
Hydrophilic residue gap off
Transition weighing 0

- 5 Pairwise alignment parameter:
FAST algorithm on
K-tuplesize 1
Gap penalty 3
Window size 5
- 10 Number of best diagonals 5

15 Unter einer Nukleinsäuresequenz, die eine Identität von mindestens 60 % mit der Sequenz SEQ ID NO: 1 aufweist, wird dementsprechend eine Nukleinsäuresequenz verstanden, die bei einem Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ ID NO: 1, insbesondere nach obigen Programmlogarithmus, mit obigem Parametersatz eine Identität von mindestens 60 % aufweist.

20 Unter einer Nukleinsäuresequenz, die eine Identität von mindestens 60 % mit der Sequenz SEQ ID NO: 2 aufweist, wird dementsprechend eine Nukleinsäuresequenz verstanden, die bei einem Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ ID NO: 2, insbesondere nach obigen Programmlogarithmus, mit obigem Parametersatz eine Identität von mindestens 60 % aufweist.

25 Unter einer Nukleinsäuresequenz, die eine Identität von mindestens 60 % mit der Sequenz SEQ ID NO: 3 aufweist, wird dementsprechend eine Nukleinsäuresequenz verstanden, die bei einem Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ ID NO: 3, insbesondere nach obigen Programmlogarithmus, mit obigem Parametersatz eine Identität von mindestens 60 % aufweist.

30 Besonders bevorzugte EPSPS Promotoren weisen mit der jeweiligen Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 1, 2 oder 3 eine Identität von mindestens 70%, bevorzugter mindestens 80%, mindestens 90%, mindestens 92%, mindestens 95%, mindestens 96%, mindestens 97%, mindestens 98%, besonders bevorzugt mindestens 99% auf.

35 Weitere natürliche Beispiele für EPSPS Promotoren lassen sich weiterhin ausgehend von den vorstehend beschriebenen Nukleinsäuresequenzen, insbesondere ausgehend von den Sequenzen SEQ ID NO: 1, 2 oder 3, aus verschiedenen Organismen, deren genomische Sequenz nicht bekannt ist, durch Hybridisierungstechniken in an sich bekannter Weise leicht auffinden.

40.

Ein weiterer Gegenstand der Erfindung betrifft daher EPSPS Promotoren, enthaltend eine Nukleinsäuresequenz, die mit der Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. No. 1, 2 oder 3 unter stringenten Bedingungen hybridisiert. Diese Nukleinsäuresequenz umfasst mindestens 10, bevorzugter mehr als 12, 15, 30, 50 oder besonders bevorzugt mehr als 150 Nukleotide.

Unter "hybridisieren" versteht man die Fähigkeit eines Poly- oder Oligonukleotids, unter stringenten Bedingungen an eine nahezu komplementäre Sequenz zu binden, während unter diesen Bedingungen unspezifische Bindungen zwischen nicht-komplementären Partnern unterbleiben. Dazu sollten die Sequenzen vorzugsweise zu 90-100% komplementär sein. Die Eigenschaft komplementärer Sequenzen, spezifisch aneinander binden zu können, macht man sich beispielsweise in der Northern- oder Southern-Blot-Technik oder bei der Primerbindung in PCR oder RT-PCR zunutze.

Die Hybridisierung erfolgt erfindungsgemäß unter stringenten Bedingungen. Solche Hybridisierungsbedingungen sind beispielsweise bei Sambrook, J., Fritsch, E.F., Maniatis, T., in: Molecular Cloning (A Laboratory Manual), 2. Auflage, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989, Seiten 9.31-9.57 oder in Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, N.Y. (1989), 6.3.1-6.3.6 beschrieben:

Unter stringenten Hybridisierungs-Bedingungen werden insbesondere verstanden: Die über Nacht Inkubation bei 42°C in einer Lösung bestehend aus 50 % Formamid, 5 x SSC (750 mM NaCl, 75 mM Tri-Natrium Citrat), 50 mM Natrium Phosphat (pH 7,6), 5x Denhardt Lösung, 10% Dextransulfat und 20 g/ml denaturierte, gescheerte Lachsspermien-DNA, gefolgt von einem Waschen der Filter mit 0,1x SSC bei 65°C.

Unter einem „funktionell äquivalenten Fragment“ werden für Promotoren Fragmente verstanden die im wesentlichen die gleiche Promotoraktivität aufweisen wie die Ausgangssequenz.

Unter „im wesentlichen gleich“ wird eine spezifische Expressionsaktivität verstanden die mindestens 50%, vorzugsweise 60%, bevorzugter 70%, bevorzugter 80%, bevorzugter 90%, besonders bevorzugt 95% der spezifischen Expressionsaktivität der Ausgangssequenz aufweist.

Unter „Fragmente“ werden Teilsequenzen der durch Ausführungsform A1), A2) oder A3) beschriebenen EPSPS Promotoren verstanden. Vorzugsweise weisen diese Fragmente mehr als 10, bevorzugter aber mehr als 12, 15, 30, 50 oder besonders bevorzugt mehr als 150 zusammenhängende Nukleotide der Nukleinsäuresequenz SEQ.

ID. NO. 1, 2 oder 3 auf.

5 Besonders bevorzugt ist die Verwendung der Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 1, 2 oder 3 als EPSPS Promotor, d.h. zur Expression von Genen in Pflanzen der Gattung Tagetes.

10 Alle vorstehend erwähnten EPSPS Promotoren sind weiterhin in an sich bekannter Weise durch chemische Synthese aus den Nukleotidbausteinen wie beispielsweise durch Fragmentkondensation einzelner überlappender, komplementärer Nukleinsäurebausteine der Doppelhelix herstellbar. Die chemische Synthese von Oligonukleotiden kann beispielsweise, in bekannter Weise, nach der Phosphoamiditmethode (Voet, Voet, 2. Auflage, Wiley Press New York, S. 896-897) erfolgen. Die Anlagerung synthetischer Oligonukleotide und Auffüllen von Lücken mithilfe des Klenow-Fragmentes der DNA-Polymerase und Ligationsreaktionen sowie allgemeine Klonierungsverfahren werden in Sambrook et al. (1989), Molecular cloning: A laboratory manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, beschrieben.

20 Unter einem „B-Gene Promotor“ werden Promotoren verstanden, die natürlicherweise in Organismen, vorzugsweise in Pflanzen, die Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Lycopin- β -Cyclase, insbesondere eine chromoplastenspezifische Lycopin- β -Cyclase, regulieren, sowie von diesen Promotorsequenzen durch Substitution, Insertion oder Deletion von Nukleotiden oder durch Fragmentierung dieser Promotorsequenzen ableitbare Nukleinsäuresequenzen, die noch diese Expressionsaktivität aufweisen und somit funktionelle Äquivalente darstellen.

25 Diese B-Gene Promotorsequenzen aus anderen Organismen, insbesondere Pflanzen, als den nachstehend angegebenen Promotorsequenzen lassen sich insbesondere durch Homologievergleiche in Datenbanken oder Hybridisierungsstudien mit DNA-Bibliotheken verschiedener Organismen unter Verwendung der nachstehend beschriebenen B-Gene Promotorsequenzen oder den Nukleinsäuren, kodierend eine Lycopin- β -Cyclase, auffinden.

30 Vorzugsweise werden dazu die Nukleinsäuren, kodierend eine Lycopin- β -Cyclase, verwendet, da in der kodierenden Sequenz konservierte Bereiche häufiger sind als in der Promotorsequenz.

Unter einer Lycopin- β -Cyclase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, Lycopin in γ -Carotin und/oder β -Carotin umzuwandeln.

Bevorzugte B-Gene Promotoren enthalten

- 5 B1) die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 4, 5 oder 6 oder
B2) eine von diesen Sequenzen durch Substitution, Insertion oder Deletion von
Nukleotiden abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 60 %
auf Nukleinsäureebene mit der jeweiligen Sequenz SEQ. ID. NO. 4, 5 oder
6 aufweist oder
B3) eine Nukleinsäuresequenz, die mit der Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO.
4, 5 oder 6 unter stringenten Bedingungen hybridisiert oder
10 B4) funktionell äquivalente Fragmente der Sequenzen unter B1), B2) oder B3)

15 Die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 4 stellt eine Promotorsequenz der chromoplastenspezifischen Lycopin- β -Cyclase (B-Gene) aus *Lycopersicon esculentum* (AAZ51517) dar.

Die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 5 stellt eine Promotorsequenz der chromoplastenspezifischen Lycopin- β -Cyclase (B-Gene) aus *Lycopersicon esculentum* (AAZ51521) dar.

20 Die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 6 stellt eine weitere Promotorsequenz der chromoplastenspezifischen Lycopin- β -Cyclase (B-Gene) aus *Lycopersicon esculentum* dar.

25 Die Erfindung betrifft weiterhin B-Gene Promotoren, enthaltend eine von diesen Sequenzen (SEQ. ID. NO. 4, 5 oder 6) durch Substitution, Insertion oder Deletion von Nukleotiden abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 60 % auf Nukleinsäureebene mit der jeweiligen Sequenz SEQ. ID. NO. 4, 5 oder 6 aufweist.

30 Weitere natürliche erfindungsgemäße Beispiele für erfindungsgemäße B-Gene Promotoren lassen sich beispielsweise aus verschiedenen Organismen, deren genomische Sequenz bekannt ist, durch Identitätsvergleiche der Nukleinsäuresequenzen aus Datenbanken mit den vorstehend beschriebenen Sequenzen SEQ ID NO: 4, 5 oder 6 leicht auffinden.

35 Künstliche erfindungsgemäße B-Gene Promotor-Sequenzen lassen sich ausgehend von den Sequenzen SEQ ID NO: 4, 5 oder 6 durch künstliche Variation und Mutation, beispielsweise durch Substitution, Insertion oder Deletion von Nukleotiden leicht auffinden.

5 Unter einer Nukleinsäuresequenz, die eine Identität von mindestens 60 % mit der Sequenz SEQ ID NO: 4 aufweist, wird dementsprechend eine Nukleinsäuresequenz verstanden, die bei einem Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ ID NO: 4, insbesondere nach obigen Programmlogarithmus mit obigem Parametersatz eine Identität von mindestens 60 % aufweist.

10 Unter einer Nukleinsäuresequenz, die eine Identität von mindestens 60 % mit der Sequenz SEQ ID NO: 5 aufweist, wird dementsprechend eine Nukleinsäuresequenz verstanden, die bei einem Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ ID NO: 5, insbesondere nach obigen Programmlogarithmus mit obigem Parametersatz eine Identität von mindestens 60 % aufweist.

15 Unter einer Nukleinsäuresequenz, die eine Identität von mindestens 60 % mit der Sequenz SEQ ID NO: 6 aufweist, wird dementsprechend eine Nukleinsäuresequenz verstanden, die bei einem Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ ID NO: 6, insbesondere nach obigen Programmlogarithmus mit obigem Parametersatz eine Identität von mindestens 60 % aufweist.

20 Besonders bevorzugte B-Gene Promotoren weisen mit der jeweiligen Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 4, 5 oder 6 eine Identität von mindestens 70%, bevorzugter mindestens 80%, mindestens 90%, mindestens 92%, mindestens 95%, mindestens 96%, mindestens 97%, mindestens 98%, besonders bevorzugt mindestens 99% auf.

25 Weitere natürliche Beispiele für B-Gene Promotoren lassen sich weiterhin ausgehend von den vorstehend beschriebenen Nukleinsäuresequenzen, insbesondere ausgehend von den Sequenzen SEQ ID NO: 4, 5 oder 6 aus verschiedenen Organismen, deren genomische Sequenz nicht bekannt ist, durch Hybridisierungstechniken in an sich bekannter Weise leicht auffinden.

30 Ein weiterer Gegenstand der Erfindung betrifft daher B-Gene Promotoren, enthaltend eine Nukleinsäuresequenz, die mit der Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. No. 4, 5 oder 6 unter stringenten Bedingungen hybridisiert. Diese Nukleinsäuresequenz umfasst mindestens 10, bevorzugter mehr als 12, 15, 30, 50 oder besonders bevorzugt mehr als 150 Nukleotide.

35 Die Hybridisierungsbedingungen sind vorstehend beschrieben.

Unter einem „funktionell äquivalenten Fragment“ werden für Promotoren Fragmente verstanden, die im wesentlichen die gleiche Promotoraktivität aufweisen wie die Aus-

gangssequenz.

Unter „im wesentlichen gleich“ wird eine spezifische Expressionsaktivität verstanden, die mindestens 50%, vorzugsweise 60%, bevorzugter 70%, bevorzugter 80%, bevorzugter 90%, besonders bevorzugt 95% der spezifischen Expressionsaktivität der Ausgangssequenz aufweist.

Unter „Fragmente“ werden Teilsequenzen der durch Ausführungsform B1), B2) oder B3) beschriebenen B-Gene Promotoren verstanden. Vorzugsweise weisen diese Fragmente mehr als 10, bevorzugter aber mehr als 12, 15, 30, 50 oder besonders bevorzugt mehr als 150 zusammenhängende Nukleotide der Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 4, 5 oder 6 auf.

Besonders bevorzugt ist die Verwendung der Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 4, 5 oder 6 als B-Gene Promotor, d.h. zur Expression von Genen in Pflanzen der Gattung Tagetes.

Alle vorstehend erwähnten B-Gene Promotoren sind weiterhin in an sich bekannter Weise durch chemische Synthese aus den Nukleotidbausteinen wie beispielsweise durch Fragmentkondensation einzelner überlappender, komplementärer Nukleinsäurebausteine der Doppelhelix herstellbar. Die chemische Synthese von Oligonukleotiden kann beispielsweise, in bekannter Weise, nach der Phosphoramiditmethode (Voet, Voet, 2. Auflage, Wiley Press New York, S. 896-897) erfolgen. Die Anlagerung synthetischer Oligonukleotide und Auffüllen von Lücken mithilfe des Klenow-Fragmentes der DNA-Polymerase und Ligationsreaktionen sowie allgemeine Klonierungsverfahren werden in Sambrook et al. (1989), Molecular cloning: A laboratory manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, beschrieben.

Unter einem „PDS Promotor“ werden Promotoren verstanden, die natürlicherweise in Organismen, vorzugsweise in Pflanzen, die Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Phytoendesaturase, regulieren, sowie von diesen Promotorsequenzen durch Substitution, Insertion oder Deletion von Nukleotiden oder durch Fragmentierung dieser Promotorsequenzen ableitbare Nukleinsäuresequenzen, die noch diese Expressionsaktivität aufweisen und somit funktionelle Äquivalente darstellen.

Diese PDS Promotorsequenzen aus anderen Organismen, insbesondere Pflanzen, als den nachstehend angegebenen Promotorsequenzen lassen sich insbesondere durch Homologievergleiche in Datenbanken oder Hybridisierungsstudien mit DNA-Bibliotheken verschiedener Organismen unter Verwendung der nachstehend beschriebenen PDS Promotorsequenzen oder den Nukleinsäuren, kodierend eine Phytoende-

saturase, auffinden.

5 Vorzugsweise werden dazu die Nukleinsäuren, kodierend eine Phytoendesaturase, verwendet, da in der kodierenden Sequenz konservierte Bereiche häufiger sind als in der Promotorsequenz.

Unter einer Phytoendesaturase wird vorzugsweise ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, Phytoen in Phytofluen umzuwandeln.

10 Bevorzugte PDS Promotoren enthalten

C1) die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 7, 8, 9 oder 10 oder

15 C2) eine von diesen Sequenzen durch Substitution, Insertion oder Deletion von Nukleotiden abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 60 % auf Nukleinsäureebene mit der jeweiligen Sequenz SEQ. ID. NO. 7, 8, 9 oder 10 aufweist oder

C3) eine Nukleinsäuresequenz, die mit der Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 7, 8, 9 oder 10 unter stringenten Bedingungen hybridisiert oder

20 C4) funktionell äquivalente Fragmente der Sequenzen unter C1), C2) oder C3)

Die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 7 stellt eine Promotorsequenz der Phytoendesaturase (PDS) aus *Lycopersicon esculentum* (U46919) dar.

25 Die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 8 stellt eine Promotorsequenz der Phytoendesaturase (PDS) aus *Lycopersicon esculentum* (X78271) dar.

Die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 9 stellt eine Promotorsequenz der Phytoendesaturase (PDS) aus *Lycopersicon esculentum* (X171023) dar.

30 Die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 10 stellt eine weitere Promotorsequenz der Phytoendesaturase (PDS) aus *Lycopersicon esculentum* dar.

35 Die Erfindung betrifft weiterhin PDS Promotoren, enthaltend eine von diesen Sequenzen (SEQ. ID. NO. 7, 8, 9 oder 10) durch Substitution, Insertion oder Deletion von Nukleotiden abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 60 % auf Nukleinsäureebene mit der jeweiligen Sequenz SEQ. ID. NO. 7, 8, 9 oder 10 aufweist.

40 Weitere natürliche erfindungsgemäße Beispiele für erfindungsgemäße PDS Promotoren lassen sich beispielsweise aus verschiedenen Organismen, deren genomische Sequenz bekannt ist, durch Identitätsvergleiche der Nukleinsäuresequenzen aus Da-

tenbanken mit den vorstehend beschriebenen Sequenzen SEQ ID NO: 7, 8, 9 oder 10 leicht auffinden.

- 5 Künstliche erfindungsgemäße PDS Promotor-Sequenzen lassen sich ausgehend von den Sequenzen SEQ ID NO: 7, 8, 9 oder 10 durch künstliche Variation und Mutation, beispielsweise durch Substitution, Insertion oder Deletion von Nukleotiden leicht auffinden.

- 10 Unter einer Nukleinsäuresequenz, die eine Identität von mindestens 60 % mit der Sequenz SEQ ID NO: 7 aufweist, wird dementsprechend eine Nukleinsäuresequenz verstanden, die bei einem Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ ID NO: 7, insbesondere nach obigen Programmlogarithmus, mit obigem Parametersatz eine Identität von mindestens 60 % aufweist.

- 15 Unter einer Nukleinsäuresequenz, die eine Identität von mindestens 60 % mit der Sequenz SEQ ID NO: 8 aufweist, wird dementsprechend eine Nukleinsäuresequenz verstanden, die bei einem Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ ID NO: 8, insbesondere nach obigen Programmlogarithmus, mit obigem Parametersatz eine Identität von mindestens 60 % aufweist.

- 20 Unter einer Nukleinsäuresequenz, die eine Identität von mindestens 60 % mit der Sequenz SEQ ID NO: 9 aufweist, wird dementsprechend eine Nukleinsäuresequenz verstanden, die bei einem Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ ID NO: 9, insbesondere nach obigen Programmlogarithmus, mit obigem Parametersatz eine Identität von mindestens 60 % aufweist.
- 25

- Unter einer Nukleinsäuresequenz, die eine Identität von mindestens 60 % mit der Sequenz SEQ ID NO: 10 aufweist, wird dementsprechend eine Nukleinsäuresequenz verstanden, die bei einem Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ ID NO: 10, insbesondere nach obigen Programmlogarithmus, mit obigem Parametersatz eine Identität von mindestens 60 % aufweist.
- 30

- Besonders bevorzugte PDS Promotoren weisen mit der jeweiligen Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 7, 8, 9 oder 10 eine Identität von mindestens 70%, bevorzugter mindestens 80%, mindestens 90%, mindestens 92%, mindestens 95%, mindestens 96%, mindestens 97%, mindestens 98%, besonders bevorzugt mindestens 99% auf.
- 35

- Weitere natürliche Beispiele für PDS Promotoren lassen sich weiterhin ausgehend von den vorstehend beschriebenen Nukleinsäuresequenzen, insbesondere ausgehend von den Sequenzen SEQ ID NO: 7, 8, 9 oder 10 aus verschiedenen Organismen, deren
- 40

genomische Sequenz nicht bekannt ist, durch Hybridisierungstechniken in an sich bekannter Weise leicht auffinden.

5 Ein weiterer Gegenstand der Erfindung betrifft daher PDS Promotoren, enthaltend eine Nukleinsäuresequenz, die mit der Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. No. 7, 8, 9 oder 10 unter stringenten Bedingungen hybridisiert. Diese Nukleinsäuresequenz umfasst mindestens 10, bevorzugter mehr als 12, 15, 30, 50 oder besonders bevorzugt mehr als 150 Nukleotide.

10 Die Hybridisierungsbedingungen sind vorstehend beschrieben.

Unter einem „funktionell äquivalenten Fragment“ werden für Promotoren Fragmente verstanden, die im wesentlichen die gleiche Promotoraktivität aufweisen wie die Ausgangssequenz.

15 Unter „im wesentlichen gleich“ wird eine spezifische Expressionsaktivität verstanden, die mindestens 50%, vorzugsweise 60%, bevorzugter 70%, bevorzugter 80%, bevorzugter 90%, besonders bevorzugt 95% der spezifischen Expressionsaktivität der Ausgangssequenz aufweist.

20 Unter „Fragmente“ werden Teilsequenzen der durch Ausführungsform C1), C2) oder C3) beschriebenen PDS Promotoren verstanden. Vorzugsweise weisen diese Fragmente mehr als 10, bevorzugter aber mehr als 12, 15, 30, 50 oder besonders bevorzugt mehr als 150 zusammenhängende Nukleotide der Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 7, 8, 9 oder 10 auf.

25 Besonders bevorzugt ist die Verwendung der Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 7, 8, 9 oder 10 als PDS Promotor, d.h. zur Expression von Genen in Pflanzen der Gattung Tagetes.

30 Alle vorstehend erwähnten PDS Promotoren sind weiterhin in an sich bekannter Weise durch chemische Synthese aus den Nukleotidbausteinen wie beispielsweise durch Fragmentkondensation einzelner überlappender, komplementärer Nukleinsäurebausteine der Doppelhelix herstellbar. Die chemische Synthese von Oligonukleotiden kann
35 beispielsweise, in bekannter Weise, nach der Phosphoramiditmethode (Voet, Voet, 2. Auflage, Wiley Press New York, S. 896-897) erfolgen. Die Anlagerung synthetischer Oligonukleotide und Auffüllen von Lücken mithilfe des Klenow-Fragmentes der DNA-Polymerase und Ligationsreaktionen sowie allgemeine Klonierungsverfahren werden in Sambrook et al. (1989), Molecular cloning: A laboratory manual, Cold Spring Harbor
40 Laboratory Press, beschrieben.

- Unter einem „CHRC Promotor“ werden Promotoren verstanden, die natürlicherweise in Organismen, vorzugsweise in Pflanzen, die Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend ein Chromoplasten-assoziiertes Protein C regulieren, sowie von diesen Promotorsequenzen durch Substitution, Insertion oder Deletion von Nukleotiden oder durch Fragmentierung dieser Promotorsequenzen ableitbare Nukleinsäuresequenzen, die noch diese Expressionsaktivität aufweisen und somit funktionelle Äquivalente darstellen.
- 5
- 10 Diese CHRC Promotorsequenzen aus anderen Organismen, insbesondere Pflanzen, als den nachstehend angegebenen Promotorsequenzen lassen sich insbesondere durch Homologievergleiche in Datenbanken oder Hybridisierungsstudien mit DNA-Bibliotheken verschiedener Organismen unter Verwendung der nachstehend beschriebenen CHRC Promotorsequenzen oder den Nukleinsäuren kodierend ein Chromoplasten-assoziiertes Protein C auffinden.
- 15

Vorzugsweise werden dazu die Nukleinsäuren kodierend ein Chromoplasten-assoziiertes Protein C verwendet, da in der kodierenden Sequenz konservierte Bereiche häufiger sind als in der Promotorsequenz.

20

Bevorzugte CHRC Promotoren enthalten

- D1) die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 11, 12, 13 oder 14 oder
- D2) eine von diesen Sequenzen durch Substitution, Insertion oder Deletion von Nukleotiden abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 60 % auf Nukleinsäureebene mit der jeweiligen Sequenz SEQ. ID. NO. 11, 12, 13 oder 14 aufweist oder
- 25
- D3) eine Nukleinsäuresequenz, die mit der Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 11, 12, 13 oder 14 unter stringenten Bedingungen hybridisiert oder
- 30
- D4) funktionell äquivalente Fragmente der Sequenzen unter D1), D2) oder D3)

Die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 11 stellt eine Promotorsequenz des Chromoplasten-assoziiertes Protein C (CHRC) aus Gurke (AAV36416) dar.

- 35 Die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 12 stellt eine weitere Promotorsequenz des Chromoplasten-assoziiertes Protein C (CHRC) aus Gurke dar.

Die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 13 stellt eine weitere Promotorsequenz des Chromoplasten-assoziiertes Protein C (CHRC) aus Gurke dar.

40

Die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 14 stellt eine weitere Promotorsequenz des chromoplasten assoziiertes Protein C (CHRC) aus Gurke dar.

- 5 Die Erfindung betrifft weiterhin CHRC Promotoren, enthaltend eine von diesen Sequenzen (SEQ. ID. NO. 11, 12, 13, oder 14) durch Substitution, Insertion oder Deletion von Nukleotiden abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 60 % auf Nukleinsäureebene mit der jeweiligen Sequenz SEQ. ID. NO. 11, 12, 13, oder 14 aufweist.

- 10 Weitere natürliche erfindungsgemäße Beispiele für erfindungsgemäße CHRC Promotoren lassen sich beispielsweise aus verschiedenen Organismen, deren genomische Sequenz bekannt ist, durch Identitätsvergleiche der Nukleinsäuresequenzen aus Datenbanken mit den vorstehend beschriebenen Sequenzen SEQ ID NO: 11, 12, 13, oder 14 leicht auffinden.

- 15 Künstliche erfindungsgemäße CHRC Promotor-Sequenzen lassen sich ausgehend von den Sequenzen SEQ ID NO: 11, 12, 13, oder 14 durch künstliche Variation und Mutation, beispielsweise durch Substitution, Insertion oder Deletion von Nukleotiden leicht auffinden.

- 20 Unter einer Nukleinsäuresequenz, die eine Identität von mindestens 60 % mit der Sequenz SEQ ID NO: 11 aufweist, wird dementsprechend eine Nukleinsäuresequenz verstanden, die bei einem Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ ID NO: 11, insbesondere nach obigen Programmlogarithmus mit obigem Parametersatz eine Identität von mindestens 60 % aufweist.

- 25 Unter einer Nukleinsäuresequenz, die eine Identität von mindestens 60 % mit der Sequenz SEQ ID NO: 12 aufweist, wird dementsprechend eine Nukleinsäuresequenz verstanden, die bei einem Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ ID NO: 12, insbesondere nach obigen Programmlogarithmus mit obigem Parametersatz eine Identität von mindestens 60 % aufweist.
- 30

- Unter einer Nukleinsäuresequenz, die eine Identität von mindestens 60 % mit der Sequenz SEQ ID NO: 13 aufweist, wird dementsprechend eine Nukleinsäuresequenz verstanden, die bei einem Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ ID NO: 13, insbesondere nach obigen Programmlogarithmus mit obigem Parametersatz eine Identität von mindestens 60 % aufweist.
- 35

- Unter einer Nukleinsäuresequenz, die eine Identität von mindestens 60 % mit der Sequenz SEQ ID NO: 14 aufweist, wird dementsprechend eine Nukleinsäuresequenz verstanden, die bei einem Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ ID NO: 14,
- 40

insbesondere nach obigen Programmlogarithmus, mit obigem Parametersatz eine Identität von mindestens 60 % aufweist.

- 5 Besonders bevorzugte CHRC Promotoren weisen mit der jeweiligen Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 11, 12, 13, oder 14 eine Identität von mindestens 70%, bevorzugter mindestens 80%, mindestens 90%, mindestens 92%, mindestens 95%, mindestens 96%, mindestens 97%, mindestens 98%, besonders bevorzugt mindestens 99% auf.

- 10 Weitere natürliche Beispiele für CHRC Promotoren lassen sich weiterhin ausgehend von den vorstehend beschriebenen Nukleinsäuresequenzen, insbesondere ausgehend von den Sequenzen SEQ ID NO: 11, 12, 13, oder 14 aus verschiedenen Organismen, deren genomische Sequenz nicht bekannt ist, durch Hybridisierungstechniken in an sich bekannter Weise leicht auffinden.

- 15 Ein weiterer Gegenstand der Erfindung betrifft daher CHCRC Promotoren, enthaltend eine Nukleinsäuresequenz, die mit der Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. No. 11, 12, 13, oder 14 unter stringenten Bedingungen hybridisiert. Diese Nukleinsäuresequenz umfasst mindestens 10, bevorzugter mehr als 12, 15, 30, 50 oder besonders bevorzugt mehr als 150 Nukleotide.

- 20 Die Hybridisierungsbedingungen sind vorstehend beschrieben.

- 25 Unter einem „funktionell äquivalenten Fragment“ werden für Promotoren Fragmente verstanden, die im wesentlichen die gleiche Promotoraktivität aufweisen wie die Ausgangssequenz.

- 30 Unter „im wesentlichen gleich“ wird eine spezifische Expressionsaktivität verstanden, die mindestens 50%, vorzugsweise 60%, bevorzugter 70%, bevorzugter 80%, bevorzugter 90%, besonders bevorzugt 95% der spezifischen Expressionsaktivität der Ausgangssequenz aufweist.

- 35 Unter „Fragmente“ werden Teilsequenzen der durch Ausführungsform D1), D2) oder D3) beschriebenen CHRC Promotoren verstanden. Vorzugsweise weisen diese Fragmente mehr als 10, bevorzugter aber mehr als 12, 15, 30, 50 oder besonders bevorzugts mehr als 150 zusammenhängende Nukleotide der Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 11, 12, 13, oder 14 auf.

Besonders bevorzugt ist die Verwendung der Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 11, 12, 13, oder 14 als CHRC Promotor, d.h. zur Expression von Genen in Pflanzen der

Gattung *Tagetes*.

Alle vorstehend erwähnten CHRC Promotoren sind weiterhin in an sich bekannter Weise durch chemische Synthese aus den Nukleotidbausteinen wie beispielsweise durch
5 Fragmentkondensation einzelner überlappender, komplementärer Nukleinsäurebausteine der Doppelhelix herstellbar. Die chemische Synthese von Oligonukleotiden kann beispielsweise, in bekannter Weise, nach der Phosphoamiditmethode (Voet, Voet, 2. Auflage, Wiley Press New York, S. 896-897) erfolgen. Die Anlagerung synthetischer Oligonukleotide und Auffüllen von Lücken mithilfe des Klenow-Fragmentes der DNA-
10 Polymerase und Ligationsreaktionen sowie allgemeine Klonierungsverfahren werden in Sambrook et al. (1989), *Molecular cloning: A laboratory manual*, Cold Spring Harbor Laboratory Press, beschrieben.

Mit den erfindungsgemäßen Promotoren lässt sich prinzipiell jedes Gen, also jede Nukleinsäure, kodierend ein Protein, in Pflanzen der Gattung *Tagetes* exprimieren, insbesondere blütenspezifisch exprimieren, besonders bevorzugt petalenspezifisch exprimieren.

Diese in Pflanzen der Gattung *Tagetes* zu exprimierenden Gene werden im folgenden
20 auch „Effektgene“ genannt.

Bevorzugte Effektgene sind beispielsweise Gene aus dem Biosynthesweg von Geruchsstoffen und Blütenfarben, deren Expression oder erhöhte Expression in Pflanzen der Gattung *Tagetes* zu einer Veränderung der Geruchs und/oder der Blütenfarbe von
25 Blüten der Pflanzen der Gattung *Tagetes* führt.

Die Biosynthese von flüchtigen Geruchskomponenten, speziell in Blüten, wurde in den letzten Jahren an verschiedenen Modellorganismen wie *Clarkia breweri* und *Antirrhinum majus* L. studiert. Flüchtige Geruchskomponenten werden beispielsweise innerhalb des
30 Monoterpen- und Phenylpropan-Stoffwechsels gebildet werden. Im ersten Fall handelt es sich um Linalool; von den Phenylpropanen sind Methyleneugenol, Benzylacetat, Methylbenzoat und Methylsalicat abgeleitet.

Für die Biosynthese von Linalool, (Iso)Methyleugenol, Benzylacetat und Methylsalicinat
35 sind bevorzugte Gene ausgewählt aus der Gruppe Nukleinsäuren kodierend eine Linalool-Synthase (LIS), Nukleinsäuren kodierend eine S-Adenosyl-L-Met:(iso)-Eugenol-O-Methyltransferase (IEMT), Nukleinsäuren kodierend eine Acetyl-CoA-Benzylalkohol-Acetyltransferase und Nukleinsäuren kodierend eine S-Adenosyl-L-Met:Salicylsäure-Methyltransferase (SAMT). Nukleinsäuresequenzen und Proteinsequenzen zu den
40 genannten enzymatischen Aktivitäten sind in Dudareva et al. *Plant Cell* 8 (1996), 1137-

1148; Wang et al. Plant Physiol. 114 (1997), 213-221 und Dudareva et al. Plant J. 14 (1998) 297-304) beschrieben.

5 Besonders bevorzugte Effektgene sind Gene aus Biosyntheswegen von biosynthetischen Produkten die in Pflanzen der Gattung Tagetes natürlicherweise, d.h. im Wildtyp oder durch genetische Veränderung des Wildtyps hergestellt werden können, insbesondere in Blüten hergestellt werden können, besonders bevorzugt in Petalen hergestellt werden können.

10 Bevorzugte biosynthetische Produkte sind Feinchemikalien.

Der Begriff "Feinchemikalie" ist im Fachgebiet bekannt und beinhaltet Verbindungen, die von einem Organismus produziert werden und in verschiedenen Industriezweigen Anwendungen finden, wie bspw., jedoch nicht beschränkt auf die pharmazeutische
15 Industrie, die Landwirtschafts-, Kosmetik, Food und Feed-Industrie. Diese Verbindungen umfassen organische Säuren, wie beispielsweise Weinsäure, Itaconsäure und Diaminopimelinsäure, sowohl proteinogene als auch nicht-proteinogene Aminosäuren, Purin- und Pyrimidinbasen, Nukleoside und Nukleotide (wie bspw. beschrieben in Kuninaka, A. (1996) Nucleotides and related compounds, S. 561-612, in Biotechnology
20 Bd. 6, Rehm et al., Hrsg. VCH: Weinheim und den darin enthaltenen Zitaten), Lipide, gesättigte und ungesättigte Fettsäuren (bspw. Arachidonsäure), Diöle (bspw. Propan-1,2-diol und Butandiol), Kohlenhydrate (bspw. Hyaluronsäure und Trehalose), aromatische Verbindungen (bspw. aromatische Amine, Vanillin und Indigo), Vitamine, Carotinoide und Cofaktoren (wie beschrieben in Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry,
25 Bd. A27, "Vitamins", S. 443-613 (1996) VCH: Weinheim und den darin enthaltenen Zitaten; und Ong, A.S., Niki, E. und Packer, L. (1995) "Nutrition, Lipids, Health and Disease" Proceedings of the UNESCO/Confederation of Scientific and Technological Associations in Malaysia and the Society for Free Radical Research - Asien,
30 abgehalten am 1.-3. Sept. 1994 in Penang, Malaysia, AOCS Press (1995)), Enzyme und sämtliche anderen von Gutcho (1983) in Chemicals by Fermentation, Noyes Data Corporation, ISBN: 0818805086 und den darin angegebenen Literaturstellen, beschriebenen Chemikalien). Der Metabolismus und die Verwendungen bestimmter Feinchemikalien sind nachstehend weiter erläutert.

35 I. Aminosäure-Metabolismus und Verwendungen

Die Aminosäuren umfassen die grundlegenden Struktureinheiten sämtlicher Proteine und sind somit für die normalen Zellfunktionen essentiell. Der Begriff "Aminosäure" ist im Fachgebiet bekannt. Die proteinogenen Aminosäuren, von denen es 20 Arten gibt,
40 dienen als Struktureinheiten für Proteine, in denen sie über Peptidbindungen miteinander

der verknüpft sind, wohingegen die nicht-proteinogenen Aminosäuren (von denen Hunderte bekannt sind) gewöhnlich nicht in Proteinen vorkommen (siehe Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, Bd. A2, S. 57-97 VCH: Weinheim (1985)). Die Aminosäuren können in der D- oder L-Konfiguration vorliegen, obwohl L-Aminosäuren
5 gewöhnlich der einzige Typ sind, den man in natürlich vorkommenden Proteinen vorfindet. Biosynthese- und Abbauwege von jeder der 20 proteinogenen Aminosäuren sind sowohl bei prokaryotischen als auch eukaryotischen Zellen gut charakterisiert (siehe bspw. Stryer, L. Biochemistry, 3. Auflage, S. 578-590 (1988)). Die "essentiellen"
10 Aminosäuren (Histidin, Isoleucin, Leucin, Lysin, Methionin, Phenylalanin, Threonin, Tryptophan und Valin), so bezeichnet, da sie aufgrund der Komplexität ihrer Biosynthese mit der Ernährung aufgenommen werden müssen, werden durch einfache Biosynthesewege in die übrigen 11 "nichtessentiellen" Aminosäuren (Alanin, Arginin, Asparagin, Aspartat, Cystein, Glutamat, Glutamin, Glycin, Prolin, Serin und Tyrosin) umgewandelt. Höhere Tiere besitzen die Fähigkeit, einige dieser Aminosäuren zu syn-
15 thetisieren, jedoch müssen die essentiellen Aminosäuren mit der Nahrung aufgenommen werden, damit eine normale Proteinsynthese stattfindet.

Abgesehen von ihrer Funktion bei der Proteinbiosynthese sind diese Aminosäuren interessante Chemikalien an sich, und man hat entdeckt, daß viele bei verschiedenen An-
20 wendungen in der Nahrungsmittel-, Futter-, Chemie-, Kosmetik-, Landwirtschafts- und pharmazeutischen Industrie zum Einsatz kommen. Lysin ist nicht nur für die Ernährung des Menschen eine wichtige Aminosäure, sondern auch für monogastrische Tiere, wie Geflügel und Schweine. Glutamat wird am häufigsten als Geschmacksadditiv (Mononatriumglutamat, MSG) sowie weithin in der Nahrungsmittelindustrie verwendet, wie
25 auch Aspartat, Phenylalanin, Glycin und Cystein. Glycin, L-Methionin und Tryptophan werden sämtlich in der pharmazeutischen Industrie verwendet. Glutamin, Valin, Leucin, Isoleucin, Histidin, Arginin, Prolin, Serin und Alanin werden in der pharmazeutischen Industrie und der Kosmetikindustrie verwendet. Threonin, Tryptophan und D-/L-Methionin sind weitverbreitete Futtermittelzusätze (Leuchtenberger, W. (1996) Amino
30 acids - technical production and use, S. 466-502 in Rehm et al., (Hrsg.) Biotechnology Bd. 6, Kapitel 14a, VCH: Weinheim). Man hat entdeckt, daß sich diese Aminosäuren außerdem als Vorstufen für die Synthese von synthetischen Aminosäuren und Proteinen, wie N-Acetylcystein, S-Carboxymethyl-L-cystein, (S)-5-Hydroxytryptophan und anderen, in Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, Bd. A2, S. 57-97, VCH,
35 Weinheim, 1985 beschriebenen Substanzen eignen.

Die Biosynthese dieser natürlichen Aminosäuren in Organismen, die sie produzieren können, bspw. Bakterien, ist gut charakterisiert worden (für einen Überblick der bakteriellen Aminosäure-Biosynthese und ihrer Regulation, s. Umbarger, H.E. (1978) Ann.
40 Rev. Biochem. 47: 533 - 606). Glutamat wird durch reduktive Aminierung von α -

Ketoglutarat, einem Zwischenprodukt im Citronensäure-Zyklus, synthetisiert. Glutamin, Prolin und Arginin werden jeweils nacheinander aus Glutamat erzeugt. Die Biosynthese von Serin erfolgt in einem Dreischritt-Verfahren und beginnt mit 3-Phosphoglycerat (einem Zwischenprodukt bei der Glykolyse), und ergibt nach Oxidations-, Transaminierungs- und Hydrolyseschritten diese Aminosäure. Cystein und Glycin werden jeweils aus Serin produziert, und zwar die erstere durch Kondensation von Homocystein mit Serin, und die letztere durch Übertragung des Seitenketten- β -Kohlenstoffatoms auf Tetrahydrofolat, in einer durch Serintranshydroxymethylase katalysierten Reaktion. Phenylalanin und Tyrosin werden aus den Vorstufen des Glycolyse- und Pento-
10 sephosphatweges, Erythrose-4-phosphat und Phosphoenolpyruvat in einem 9-Schritt-Biosyntheseweg synthetisiert, der sich nur in den letzten beiden Schritten nach der Synthese von Prephenat unterscheidet. Tryptophan wird ebenfalls aus diesen beiden Ausgangsmolekülen produziert, jedoch erfolgt dessen Synthese in einem 11-Schritt-Weg. Tyrosin läßt sich in einer durch Phenylalaninhydroxylase katalysierten Reaktion
15 auch aus Phenylalanin herstellen. Alanin, Valin und Leucin sind jeweils Biosyntheseprodukte aus Pyruvat, dem Endprodukt der Glykolyse. Aspartat wird aus Oxalacetat, einem Zwischenprodukt des Citratzyklus, gebildet. Asparagin, Methionin, Threonin und Lysin werden jeweils durch Umwandlung von Aspartat produziert. Isoleucin wird aus Threonin gebildet. In einem komplexen 9-Schritt-Weg erfolgt die Bildung von Histidin
20 aus 5-Phosphoribosyl-1-pyrophosphat, einem aktivierten Zucker.

Aminosäuren, deren Menge den Proteinbiosynthesebedarf der Zelle übersteigt, können nicht gespeichert werden, und werden stattdessen abgebaut, so daß Zwischenprodukte für die Haupt-Stoffwechselwege der Zelle bereitgestellt werden (für einen Überblick
25 siehe Stryer, L., Biochemistry, 3. Aufl. Kap. 21 "Amino Acid Degradation and the Urea Cycle"; S 495-516 (1988)). Die Zelle ist zwar in der Lage, ungewünschte Aminosäuren in nützliche Stoffwechsel-Zwischenprodukte umzuwandeln, jedoch ist die Aminosäureproduktion hinsichtlich der Energie, der Vorstufenmoleküle und der für ihre Synthese nötigen Enzyme aufwendig. Es überrascht daher nicht, daß die Aminosäure-
30 Biosynthese durch Feedback-Hemmung reguliert wird, wobei das Vorliegen einer bestimmten Aminosäure ihre eigene Produktion verlangsamt oder ganz beendet (für einen Überblick über den Rückkopplungs-Mechanismus bei Aminosäure-Biosynthesewegen, siehe Stryer, L., Biochemistry, 3. Aufl., Kap. 24, "Biosynthesis of Amino Acids and Heme", S. 575-600 (1988)). Der Ausstoß einer bestimmten Amino-
35 säure wird daher durch die Menge dieser Aminosäure in der Zelle eingeschränkt.

II. Vitamine, Carotinoide, Cofaktoren und Nutrazeutika-Metabolismus sowie Verwendungen

Vitamine, Carotinoide, Cofaktoren und Nutrazeutika umfassen eine weitere Gruppe von Molekülen. Höhere Tiere haben die Fähigkeit verloren, diese zu synthetisieren und müssen sie somit aufnehmen, obwohl sie leicht durch andere Organismen, wie Bakterien, synthetisiert werden. Diese Moleküle sind entweder biologisch aktive Moleküle an sich oder Vorstufen von biologisch aktiven Substanzen, die als Elektronenträger oder Zwischenprodukte bei einer Reihe von Stoffwechselwegen dienen. Diese Verbindungen haben neben ihrem Nährwert auch einen signifikanten industriellen Wert als Farbstoffe, Antioxidantien und Katalysatoren oder andere Verarbeitungs-Hilfsstoffe. (Für einen Überblick über die Struktur, Aktivität und die industriellen Anwendungen dieser Verbindungen siehe bspw. Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, "Vitamins", Bd. A27, S. 443-613, VCH: Weinheim, 1996). Der Begriff "Vitamin" ist im Fachgebiet bekannt und umfaßt Nährstoffe, die von einem Organismus für eine normale Funktion benötigt werden, jedoch nicht von diesem Organismus selbst synthetisiert werden können. Die Gruppe der Vitamine kann Cofaktoren und nutrazeutische Verbindungen umfassen. Der Begriff "Cofaktor" umfaßt nicht-proteinartige Verbindungen, die für das Auftreten einer normalen Enzymaktivität nötig sind. Diese Verbindungen können organisch oder anorganisch sein; die erfindungsgemäßen Cofaktor-Moleküle sind vorzugsweise organisch. Der Begriff "Nutrazeutikum" umfaßt Nahrungsmittelzusätze, die bei Pflanzen und Tieren, insbesondere dem Menschen, gesundheitsfördernd sind. Beispiele solcher Moleküle sind Vitamine, Antioxidantien und ebenfalls bestimmte Lipide (z.B. mehrfach ungesättigte Fettsäuren).

Bevorzugte Feinchemikalien oder biosynthetische Produkte, die in Pflanzen der Gattung Tagetes, insbesondere in Petalen der Blüten der Pflanzen der Gattung Tagetes hergestellt werden können, sind Carotinoide, wie beispielsweise Phytoen, Lycopin, Lutein, Zeaxanthin, Astaxanthin, Canthaxanthin, Echinenon, 3-Hydroxyechinenon, 3'-Hydroxyechinenon, Adonirubin, Violaxanthin und Adonixanthin.

Besonders bevorzugte Carotinoide sind Ketocarotinoide, wie beispielsweise Astaxanthin, Canthaxanthin, Echinenon, 3-Hydroxyechinenon, 3'-Hydroxyechinenon, Adonirubin, Violaxanthin und Adonixanthin.

Die Biosynthese dieser Moleküle in Organismen, die zu ihrer Produktion befähigt sind, wie Bakterien, ist umfassend charakterisiert worden (Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, "Vitamins", Bd. A27, S. 443-613, VCH: Weinheim, 1996, Michal, G. (1999) Biochemical Pathways: An Atlas of Biochemistry and Molecular Biology, John Wiley & Sons; Ong, A.S., Niki, E. und Packer, L. (1995) "Nutrition, Lipids, Health and Disease" Proceedings of the UNESCO/Confederation of Scientific and Technological Associations in Malaysia and the Society for free Radical Research - Asien, abgehalten

am 1.-3. Sept. 1994 in Penang, Malaysia, AOCS Press, Champaign, IL X, 374 S).

Thiamin (Vitamin B₁) wird durch chemisches Kuppeln von Pyrimidin und Thiazol-Einheiten gebildet. Riboflavin (Vitamin B₂) wird aus Guanosin-5'-triphosphat (GTP) und
5 Ribose-5'-phosphat synthetisiert. Riboflavin wiederum wird zur Synthese von Flavin-mononukleotid (FMN) und Flavinadenindinukleotid (FAD) eingesetzt. Die Familie von Verbindungen, die gemeinsam als "Vitamin B6" bezeichnet werden (bspw. Pyridoxin, Pyridoxamin, Pyridoxal-5'-phosphat und das kommerziell verwendete Pyridoxin-hydrochlorid), sind alle Derivate der gemeinsamen Struktureinheit 5-Hydroxy-6-methylpyridin. Panthothenat (Pantothenensäure, R-(+)-N-(2,4-Dihydroxy-3,3-dimethyl-1-oxobutyl)-β-alanin) kann entweder durch chemische Synthese oder durch Fermentation hergestellt werden. Die letzten Schritte bei der Pantothenat-Biosynthese bestehen aus der ATP-getriebenen Kondensation von β-Alanin und Pantoinsäure. Die für die Biosyntheseschritte für die Umwandlung in Pantoinsäure, in β-Alanin und zur Kondensation in
10 Pantothenat verantwortlichen Enzyme sind bekannt. Die metabolisch aktive Form von Pantothenat ist Coenzym A, dessen Biosynthese über 5 enzymatische Schritte verläuft. Pantothenat, Pyridoxal-5'-phosphat, Cystein und ATP sind die Vorstufen von Coenzym A. Diese Enzyme katalysieren nicht nur die Bildung von Pantothenat, sondern auch die Produktion von (R)-Pantoinsäure, (R)-Pantolacton, (R)-Panthenol (Provitamin B₅), Pantethin (und seinen Derivaten) und Coenzym A.
20

Die Biosynthese von Biotin aus dem Vorstufenmolekül Pimeloyl-CoA in Mikroorganismen ist ausführlich untersucht worden, und man hat mehrere der beteiligten Gene identifiziert. Es hat sich herausgestellt, daß viele der entsprechenden Proteine an der
25 Fe-Cluster-Synthese beteiligt sind und zu der Klasse der nifS-Proteine gehören. Die Liponsäure wird von der Octanonsäure abgeleitet und dient als Coenzym beim Energie-Metabolismus, wo sie Bestandteil des Pyruvatdehydrogenasekomplexes und des α-Ketoglutaratdehydrogenasekomplexes wird. Die Folate sind eine Gruppe von Substanzen, die alle von der Folsäure abgeleitet werden, die wiederum von L-Glutaminsäure, p-Aminobenzoesäure und 6-Methylpterin hergeleitet ist. Die Biosynthese der Folsäure und ihrer Derivate, ausgehend von den metabolischen Stoffwechselzwischenprodukten Guanosin-5'-triphosphat (GTP), L-Glutaminsäure und p-Aminobenzoesäure ist in bestimmten Mikroorganismen eingehend untersucht worden.
30

Corrinoide (wie die Cobalamine und insbesondere Vitamin B₁₂) und die Porphyrine gehören zu einer Gruppe von Chemikalien, die sich durch ein Tetrapyrrol-Ringsystem auszeichnen. Die Biosynthese von Vitamin B₁₂ ist hinreichend komplex, daß sie noch nicht vollständig charakterisiert worden ist, jedoch ist inzwischen ein Großteil der beteiligten Enzyme und Substrate bekannt. Nikotinsäure (Nikotinat) und Nikotinamid sind
40 Pyridin-Derivate, die auch als "Niacin" bezeichnet werden. Niacin ist die Vorstufe der

wichtigen Coenzyme NAD (Nikotinamidadenindinukleotid) und NADP (Nikotinamidadenindinukleotidphosphat) und ihrer reduzierten Formen.

Die Produktion dieser Verbindungen im Großmaßstab beruht größtenteils auf zellfreien chemischen Synthesen, obwohl einige dieser Chemikalien ebenfalls durch großangelegte Anzucht von Mikroorganismen produziert worden sind, wie Riboflavin, Vitamin B₆, Pantothenat und Biotin. Nur Vitamin B₁₂ wird aufgrund der Komplexität seiner Synthese lediglich durch Fermentation produziert. In-vitro-Verfahren erfordern einen erheblichen Aufwand an Materialien und Zeit und häufig an hohen Kosten.

III. Purin-, Pyrimidin-, Nukleosid- und Nukleotid-Metabolismus und Verwendungen

Gene für den Purin- und Pyrimidin-Stoffwechsel und ihre entsprechenden Proteine sind wichtige Ziele für die Therapie von Tumorerkrankungen und Virusinfektionen. Der Begriff "Purin" oder "Pyrimidin" umfaßt stickstoffhaltige Basen, die Bestandteil der Nukleinsäuren, Coenzyme und Nukleotide sind. Der Begriff "Nukleotid" beinhaltet die grundlegenden Struktureinheiten der Nukleinsäuremoleküle, die eine stickstoffhaltige Base, einen Pentose-Zucker (bei RNA ist der Zucker Ribose, bei DNA ist der Zucker D-Desoxyribose) und Phosphorsäure umfassen. Der Begriff "Nukleosid" umfaßt Moleküle, die als Vorstufen von Nukleotiden dienen, die aber im Gegensatz zu den Nukleotiden keine Phosphorsäureeinheit aufweisen. Durch Hemmen der Biosynthese dieser Moleküle oder ihrer Mobilisation zur Bildung von Nukleinsäuremolekülen ist es möglich, die RNA- und DNA-Synthese zu hemmen; wird diese Aktivität zielgerichtet bei kanzerogenen Zellen gehemmt, läßt sich die Teilungs- und Replikations-Fähigkeit von Tumorzellen hemmen.

Es gibt zudem Nukleotide, die keine Nukleinsäuremoleküle bilden, jedoch als Energiespeicher (d.h. AMP) oder als Coenzyme (d.h. FAD und NAD) dienen.

Mehrere Veröffentlichungen haben die Verwendung dieser Chemikalien für diese medizinischen Indikationen beschrieben, wobei der Purin- und/oder Pyrimidin-Metabolismus beeinflusst wird (bspw. Christopherson, R.I. und Lyons, S.D. (1990) "Potent inhibitors of de novo pyrimidine and purine biosynthesis as chemotherapeutic agents", Med. Res. Reviews 10: 505-548). Untersuchungen an Enzymen, die am Purin- und Pyrimidin-Metabolismus beteiligt sind, haben sich auf die Entwicklung neuer Medikamente konzentriert, die bspw. als Immunsuppressivumittel oder Antiproliferantien verwendet werden können (Smith, J.L. "Enzymes in Nucleotide Synthesis" Curr. Opin. Struct. Biol. 5 (1995) 752-757; Biochem. Soc. Transact. 23 (1995) 877-902). Die Purin- und Pyrimidinbasen, Nukleoside und Nukleotide haben jedoch auch andere Einsatzmöglichkeiten: als Zwischenprodukte bei der Biosynthese verschiedener Feinchemikalien (z.B. Thiamin, S-Adenosyl-methionin, Folate oder Riboflavin), als

- kalien (z.B. Thiamin, S-Adenosyl-methionin, Folate oder Riboflavin), als Energieträger für die Zelle (bspw. ATP oder GTP) und für Chemikalien selbst, werden gewöhnlich als Geschmacksverstärker verwendet (bspw. IMP oder GMP) oder für viele medizinische Anwendungen (siehe bspw. Kuninaka, A., (1996) "Nucleotides and Related Com-
5 pounds in Biotechnology Bd. 6, Rehm et al., Hrsg. VCH: Weinheim, S. 561-612). Enzyme, die am Purin-, Pyrimidin-, Nukleosid- oder Nukleotid-Metabolismus beteiligt sind, dienen auch immer stärker als Ziele, gegen die Chemikalien für den Pflanzenschutz, einschließlich Fungiziden, Herbiziden und Insektiziden entwickelt werden.
- 10 Der Metabolismus dieser Verbindungen in Bakterien ist charakterisiert worden (für Übersichten siehe bspw. Zalkin, H. und Dixon, J.E. (1992) "De novo purin nucleotide biosynthesis" in Progress in Nucleic Acids Research and Molecular biology, Bd. 42, Academic Press, S. 259-287; und Michal, G. (1999) "Nucleotides and Nucleosides";
15 Kap. 8 in : Biochemical Pathways: An Atlas of Biochemistry and Molecular Biology, Wiley, New York). Der Purin-Metabolismus, das Objekt intensiver Forschung, ist für das normale Funktionieren der Zelle essentiell. Ein gestörter Purin-Metabolismus in höheren Tieren kann schwere Erkrankungen verursachen, bspw. Gicht. Die Purinnukleotide werden über eine Reihe von Schritten über die Zwischenverbindung Inosin-5'-phosphat (IMP) aus Ribose-5-phosphat synthetisiert, was zur Produktion von Guanosin-5'-
20 monophosphat (GMP) oder Adenosin-5'-monophosphat (AMP) führt, aus denen sich die als Nukleotide verwendeten Triphosphatformen leicht herstellen lassen. Diese Verbindungen werden auch als Energiespeicher verwendet, so daß ihr Abbau Energie für viele verschiedene biochemische Prozesse in der Zelle liefert. Die Pyrimidinbiosynthese erfolgt über die Bildung von Uridin-5'-monophosphat (UMP) aus Ribose-5-phosphat.
25 UMP wiederum wird in Cytidin-5'-triphosphat (CTP) umgewandelt. Die Desoxyformen sämtlicher Nukleotide werden in einer Einschnitt-Reduktionsreaktion aus der Diphosphat-Riboseform des Nukleotides zur Diphosphat-Desoxyriboseform des Nukleotides hergestellt. Nach der Phosphorylierung können diese Moleküle an der DNA-Synthese teilnehmen.

30

IV. Trehalose-Metabolismus und Verwendungen

- Trehalose besteht aus zwei Glucosemolekülen, die über α,α -1,1-Bindung miteinander verknüpft sind. Sie wird gewöhnlich in der Nahrungsmittelindustrie als Süßstoff, als
35 Additiv für getrocknete oder gefrorene Nahrungsmittel sowie in Getränken verwendet. Sie wird jedoch auch in der pharmazeutischen Industrie, der Kosmetik- und Biotechnologie-Industrie angewendet (s. bspw. Nishimoto et al., (1998) US-Patent Nr. 5 759 610; Singer, M.A. und Lindquist, S. Trends Biotech. 16 (1998) 460-467; Paiva, C.L.A. und Panek, A.D. Biotech Ann. Rev. 2 (1996) 293-314; und Shiosaka, M. J. Japan 172
40 (1997) 97-102). Trehalose wird durch Enzyme von vielen Mikroorganismen produziert

und auf natürliche Weise in das umgebende Medium abgegeben, aus dem sie durch im Fachgebiet bekannte Verfahren gewonnen werden kann.

5 Besonders bevorzugte biosynthetische Produkte sind ausgewählt aus der Gruppe organische Säuren, Proteine, Nukleotide und Nukleoside, sowohl proteinogene als auch nicht-proteinogene Aminosäuren, Lipide und Fettsäuren, Diole, Kohlehydrate, aromatische Verbindungen, Vitamine und Cofaktoren, Enzyme und Proteine.

10 Bevorzugte organische Säuren sind Weinsäure, Itaconsäure und Diaminopimelinsäure

Bevorzugte Nukleoside und Nukleotide sind beispielsweise beschrieben in Kuninaka, A. (1996) Nucleotides and related compounds, S. 561-612, in Biotechnology Bd. 6, Rehm et al., Hrsg. VCH: Weinheim und den darin enthaltenen Zitaten.

15 Bevorzugte biosynthetische Produkte sind weiterhin Lipide, gesättigte und ungesättigte Fettsäuren, wie beispielsweise Arachidonsäure, Diole wie beispielsweise Propandiol und Butandiol, Kohlenhydrate, wie beispielsweise Hyaluronsäure und Trehalose, aromatische Verbindungen, wie beispielsweise aromatische Amine, Vanillin und Indigo, Vitamine und Cofaktoren, wie beispielsweise beschrieben in Ullmann's Encyclopedia of
20 Industrial Chemistry, Bd. A27, "Vitamins", S. 443-613 (1996) VCH: Weinheim und den darin enthaltenen Zitaten; und Ong, A.S., Niki, E. und Packer, L. (1995) "Nutrition, Lipids, Health and Disease" Proceedings of the UNESCO/Confederation of Scientific and Technological Associations in Malaysia and the Society for Free Radical Research -
25 Asien, abgehalten am 1.-3. Sept. 1994 in Penang, Malaysia, AOCS Press (1995)), Enzyme Polyketide (Cane et al. (1998) *Science* 282: 63-68), und sämtliche anderen von Gutcho (1983) in Chemicals by Fermentation, Noyes Data Corporation, ISBN: 0818805086 und den darin angegebenen Literaturstellen, beschriebenen Chemikalien.

30 Besonders bevorzugte Gene, die mit den erfindungsgemäßen Promotoren in Pflanzen der Gattung *Tagetes* exprimiert werden sind demnach Gene, ausgewählt sind aus der Gruppe Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von proteinogenen und nicht-proteinogenen Aminosäuren, Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von Nukleotiden und Nukleosiden, Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von organischen Säuren, Nukleinsäuren kodierend
35 ein Protein aus dem Biosyntheseweg von Lipiden und Fettsäuren, Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von Diolen, Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von Kohlenhydraten, Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von aromatischen Verbindung, Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von Vitaminen, Nukleinsäuren kodierend ein
40 Protein aus dem Biosyntheseweg von Carotinoiden, insbesondere Ketocarotinoiden,

Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von Cofaktoren und Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von Enzymen.

5 Bevorzugte Feinchemikalien oder biosynthetische Produkte, die in Pflanzen der Gattung Tagetes, insbesondere in Petalen der Blüten der Pflanzen der Gattung Tagetes hergestellt werden können, sind Carotinoide, wie beispielsweise Phytoen, Lycopin, Lutein, Zeaxanthin, Astaxanthin, Canthaxanthin, Echinenon, 3-Hydroxyechinenon, 3'-Hydroxyechinenon, Adonirubin, Violaxanthin und Adonixanthin.

10 Besonders bevorzugte Carotinoide sind Ketocarotinoide, wie beispielsweise Astaxanthin, Canthaxanthin, Echinenon, 3-Hydroxyechinenon, 3'-Hydroxyechinenon, Adonirubin, Violaxanthin und Adonixanthin.

15 Ganz besonders bevorzugte Gene, die mit den erfindungsgemäßen Promotoren in Pflanzen der Gattung Tagetes exprimiert werden sind demnach Gene die Proteine aus dem Biosyntheseweg von Carotinoiden kodieren.

Insbesondere bevorzugt sind Gene ausgewählt sind aus der Gruppe Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, Nukleinsäuren kodierend eine β -Hydroxylase, Nukleinsäuren
20 kodierend eine β -Cyclase, Nukleinsäuren kodierend eine ϵ -Cyclase, Nukleinsäuren kodierend eine Epoxidase, Nukleinsäuren kodierend eine HMG-CoA-Reduktase, Nukleinsäuren kodierend eine (E)-4-Hydroxy-3-Methylbut-2-enyl-Diphosphat-Reduktase, Nukleinsäuren kodierend eine 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Reduktoisomerase, Nukleinsäuren ko-
25 dierend eine Isopentenyl-Diphosphat- Δ -Isomerase, Nukleinsäuren kodierend eine Geranyl-Diphosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Farnesyl-Diphosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Geranyl-Geranyl-Diphosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Phytoen-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Phytoen-Desaturase, Nukleinsäuren kodierend eine Prephytoen-Synthase, Nukleinsäuren ko-
30 dierend eine Zeta-Carotin-Desaturase, Nukleinsäuren kodierend ein crtISO Protein, Nukleinsäuren kodierend ein FtsZ Protein und Nukleinsäuren kodierend ein MinD Protein.

35 Unter einer Ketolase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, am, gegebenenfalls substituierten, β -Ionon-Ring von Carotinoiden eine Keto-Gruppe einzuführen.

Insbesondere wird unter einer Ketolase ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, β -Carotin in Canthaxanthin umzuwandeln.

Beispiele für Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, und die entsprechenden Ketolasen, sind beispielsweise Sequenzen aus

5 Haematoccus pluvialis, insbesondere aus Haematoccus pluvialis Flotow em. Wille (Accession NO: X86782; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 15, Protein SEQ ID NO: 16),

Haematoccus pluvialis, NIES-144 (Accession NO: D45881; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 17, Protein SEQ ID NO: 18),

10 Agrobacterium aurantiacum (Accession NO: D58420; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 19, Protein SEQ ID NO: 20),

Alicalligenes spec. (Accession NO: D58422; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 21, Protein SEQ ID NO: 22),

15 Paracoccus marcusii (Accession NO: Y15112; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 23, Protein SEQ ID NO: 24).

20 Synechocystis sp. Strain PC6803 (Accession NO: NP442491; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 25, Protein SEQ ID NO: 26).

Bradyrhizobium sp. (Accession NO: AF218415; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 27, Protein SEQ ID NO: 28).

25 Nostoc sp. Strain PCC7120 (Accession NO: AP003592, BAB74888; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 29, Protein SEQ ID NO: 30).

30 Haematococcus pluvialis
(Accession NO: AF534876, AAN03484; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 31, Protein : SEQ ID NO: 32)

35 Paracoccus sp. MBIC1143
(Accession NO: D58420, P54972; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 33, Protein : SEQ ID NO: 34)

Brevundimonas aurantiaca
(Accession NO: AY166610, AAN86030; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 35, Protein : SEQ ID NO: 36)

40 Nodularia spumigena NSOR10

(Accession NO: AY210783, AAO64399; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 37, Protein : SEQ ID NO: 38)

Nostoc punctiforme ATCC 29133

- 5 (Accession NO: NZ_AABC01000195, ZP_00111258; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 39, Protein : SEQ ID NO: 40)

Nostoc punctiforme ATCC 29133

- 10 (Accession NO: NZ_AABC01000196; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 41, Protein : SEQ ID NO: 42)

Deinococcus radiodurans R1

- 15 (Accession NO: E75561, AE001872; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 43, Protein : SEQ ID NO: 44),

Synechococcus sp. WH 8102,

- 20 Nukleinsäure: Acc.-No. NZ_AABD01000001, Basenpaar 1,354,725-1,355,528 (SEQ ID NO: 75), Protein: Acc.-No. ZP_00115639 (SEQ ID NO: 76) (als putatives Protein annotiert),

Unter einer β -Cyclase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, einen endständigen, linearen Rest von Lycopin in einen β -Ionon-Ring zu überführen.

- 25 Insbesondere wird unter einer β -Cyclase ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, γ -Carotin in β -Carotin umzuwandeln.

Beispiele für β -Cyclase-Gene sind Nukleinsäuren, kodierend eine β -Cyclase aus Tomate (Accession X86452). (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 45, Protein: SEQ ID NO: 46),

- 30 sowie β -Cyclasen der folgenden Accession Nummern:

S66350 lycopene beta-cyclase (EC 5.5.1.-) - tomato

CAA60119 lycopene synthase [*Capsicum annuum*]

S66349 lycopene beta-cyclase (EC 5.5.1.-) - common tobacco

- 35 CAA57386 lycopene cyclase [*Nicotiana tabacum*]

AAM21152 lycopene beta-cyclase [*Citrus sinensis*]

AAD38049 lycopene cyclase [*Citrus x paradisi*]

AAN86060 lycopene cyclase [*Citrus unshiu*]

AAF44700 lycopene beta-cyclase [*Citrus sinensis*]

- 40 AAK07430 lycopene beta-cyclase [*Adonis palaestina*]

- AAG10429 beta cyclase [*Tagetes erecta*]
- AAA81880 lycopene cyclase
- AAB53337 Lycopene beta cyclase
- AAL92175 beta-lycopene cyclase [*Sandersonia aurantiaca*]
- 5 CAA67331 lycopene cyclase [*Narcissus pseudonarcissus*]
- AAM45381 beta cyclase [*Tagetes erecta*]
- AAQ18661 lycopene beta-cyclase [*Zea mays*]
- AAG21133 chromoplast-specific lycopene beta-cyclase [*Lycopersicon esculentum*]
- AAF18989 lycopene beta-cyclase [*Daucus carota*]
- 10 ZP_001140 hypothetical protein [*Prochlorococcus marinus* str. MIT9313]
- ZP_001050 hypothetical protein [*Prochlorococcus marinus* subsp. *pastoris* str. CCMP1378]
- ZP_001046 hypothetical protein [*Prochlorococcus marinus* subsp. *pastoris* str. CCMP1378]
- 15 ZP_001134 hypothetical protein [*Prochlorococcus marinus* str. MIT9313]
- ZP_001150 hypothetical protein [*Synechococcus* sp. WH 8102]
- AAF10377 lycopene cyclase [*Deinococcus radiodurans*]
- BAA29250 393aa long hypothetical protein [*Pyrococcus horikoshii*]
- BAC77673 lycopene beta-monocyclase [marine bacterium P99-3]
- 20 AAL01999 lycopene cyclase [*Xanthobacter* sp. Py2]
- ZP_000190 hypothetical protein [*Chloroflexus aurantiacus*]
- ZP_000941 hypothetical protein [*Novosphingobium aromaticivorans*]
- AAF78200 lycopene cyclase [*Bradyrhizobium* sp. ORS278]
- BAB79602 crtY [*Pantoea agglomerans* pv. *milletiae*]
- 25 CAA64855 lycopene cyclase [*Streptomyces griseus*]
- AAA21262 dycopene cyclase [*Pantoea agglomerans*]
- C37802 crtY protein - *Erwinia uredovora*
- BAB79602 crtY [*Pantoea agglomerans* pv. *milletiae*]
- AAA64980 lycopene cyclase [*Pantoea agglomerans*]
- 30 AAC44851 lycopene cyclase
- BAA09593 Lycopene cyclase [*Paracoccus* sp. MBIC1143]
- ZP_000941 hypothetical protein [*Novosphingobium aromaticivorans*]
- CAB56061 lycopene beta-cyclase [*Paracoccus marcusii*]
- BAA20275 lycopene cyclase [*Erythrobacter longus*]
- 35 ZP_000570 hypothetical protein [*Thermobifida fusca*]
- ZP_000190 hypothetical protein [*Chloroflexus aurantiacus*]
- AAK07430 lycopene beta-cyclase [*Adonis palaestina*]
- CAA67331 lycopene cyclase [*Narcissus pseudonarcissus*]
- AAB53337 Lycopene beta cyclase
- 40 BAC77673 lycopene beta-monocyclase [marine bacterium P99-3].

Eine besonders bevorzugte β -Cyclase ist weiterhin die chromoplastenspezifische β -Cyclase aus Tomate (AAG21133) (Nukleinsäure: SEQ. ID. No. 49; Protein: SEQ. ID. No. 50)

5

Unter einer Hydroxylase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, am, gegebenenfalls substituierten, β -Ionon-Ring von Carotinoiden eine Hydroxy-Gruppe einzuführen.

- 10 Insbesondere wird unter einer Hydroxylase ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, β -Carotin in Zeaxanthin oder Canthaxanthin in Astaxanthin umzuwandeln.

Beispiele für ein Hydroxylase-Gene sind:

15

eine Nukleinsäure, kodierend eine Hydroxylase aus *Haematococcus pluvialis*, Accession AX038729, WO 0061764); (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 49, Protein: SEQ ID NO: 50),

20

sowie Hydroxylasen der folgenden Accession Nummern:

25

[emb]CAB55626.1, CAA70427.1, CAA70888.1, CAB55625.1, AF499108_1, AF315289_1, AF296158_1, AAC49443.1, NP_194300.1, NP_200070.1, AAG10430.1, CAC06712.1, AAM88619.1, CAC95130.1, AAL80006.1, AF162276_1, AAO53295.1, AAN85601.1, CRTZ_ERWHE, CRTZ_PANAN, BAB79605.1, CRTZ_ALCSP, CRTZ_AGRAU, CAB56060.1, ZP_00094836.1, AAC44852.1, BAC77670.1, NP_745389.1, NP_344225.1, NP_849490.1, ZP_00087019.1, NP_503072.1, NP_852012.1, NP_115929.1, ZP_00013255.1

30

Eine besonders bevorzugte Hydroxylase ist weiterhin die Hydroxylase aus Tomate (Accession Y14810, CrtR-b2) (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 51; Protein: SEQ ID NO. 52).

35

Unter einer HMG-CoA-Reduktase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, 3-Hydroxy-3-Methyl-Glutaryl-Coenzym-A in Mevalonat umzuwandeln.

40

Unter einer (E)-4-Hydroxy-3-Methylbut-2-enyl-Diphosphat-Reduktase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, (E)-4-Hydroxy-3-Methylbut-2-enyl-Diphosphat in Isopentenylidiphosphat und Dimethylallyldiphosphate umzuwandeln.

Unter einer 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Synthase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, Hydroxyethyl-ThPP und Glycerinaldehyd-3-Phosphat in 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat umzuwandeln.

- 5 Unter einer 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Reduktoisomerase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat in 2-C-methyl-D-erythritol 4-Phosphat umzuwandeln

- 10 Unter einer Isopentenyl-Diphosphat- Δ - Isomerase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, Isopentenyl-Diphosphat in Dimethylallylphosphat umzuwandeln.

- 15 Unter einer Geranyl-Diphosphat-Synthase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, Isopentenyl-Diphosphat und Dimethylallylphosphat in Geranyl-Diphosphat umzuwandeln.

- 20 Unter einer Farnesyl-Diphosphat-Synthase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, sequentiell 2 Moleküle Isopentenyl-Diphosphat mit Dimethylallyl-Diphosphat und dem resultierenden Geranyl-Diphosphat in Farnesyl-Diphosphat umzuwandeln

- 25 Unter einer Geranyl-Geranyl-Diphosphat-Synthase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, Farnesyl-Diphosphat und Isopentenyl-Diphosphat in Geranyl-Geranyl-Diphosphat umzuwandeln.

Unter einer Phytoen-Synthase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, Geranyl-Geranyl-Diphosphat in Phytoen umzuwandeln.

- 30 Unter einer Phytoen-Desaturase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, Phytoen in Phytofluen und/oder Phytofluen in ζ -Carotin (Zetacarotin) umzuwandeln.

- 35 Unter einer Zeta-Carotin-Desaturase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, ζ -Carotin in Neurosporin und/oder Neurosporin in Lycopin umzuwandeln.

Unter einem crtISO-Proteins wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, 7,9,7',9'-tetra-cis-Lycopin in all-trans-Lycopin umzuwandeln.

Unter einem FtsZ-Protein wird ein Protein verstanden, das eine Zellteilungs und Plastidenteilungs-fördernde Wirkung hat und Homologien zu Tubulinproteinen aufweist.

- 5 Unter einem MinD -Protein wird ein Protein verstanden, das eine multifunktionale Rolle bei der Zellteilung aufweist. Es ist eine Membran-assoziierte ATPase und kann innerhalb der Zelle eine oszillierende Bewegung von Pol zu Pol zeigen:

Beispiele für HMG-CoA-Reduktase-Gene sind:

- 10 Eine Nukleinsäure, kodierend eine HMG-CoA-Reduktase aus *Arabidopsis thaliana*, Accession NM_106299; (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 53, Protein: SEQ ID NO: 54),
- sowie weitere HMG-CoA-Reduktase -Gene aus anderen Organismen mit den folgenden Accession Nummern:
- 15 P54961, P54870, P54868, P54869, O02734, P22791, P54873, P54871, P23228, P13704, P54872, Q01581, P17425, P54874, P54839, P14891, P34135, O64966, P29057, P48019, P48020, P12683, P43256, Q9XEL8, P34136, O64967, P29058, P48022, Q41437, P12684, Q00583, Q9XHL5, Q41438, Q9YAS4, O76819, O28538,
- 20 Q9Y7D2, P54960, O51628, P48021, Q03163, P00347, P14773, Q12577, Q59468, P04035, O24594, P09610, Q58116, O26662, Q01237, Q01559, Q12649, O74164, O59469, P51639, Q10283, O08424, P20715, P13703, P13702, Q96UG4, Q8SQZ9, O15888, Q9TUM4, P93514, Q39628, P93081, P93080, Q944T9, Q40148, Q84MM0, Q84LS3, Q9Z9N4, Q9KLM0

25

Beispiele für (E)-4-Hydroxy-3-Methylbut-2-enyl-Diphosphat-Reduktase-Gene sind:

- Eine Nukleinsäure, kodierend eine (E)-4-Hydroxy-3-Methylbut-2-enyl-Diphosphat-Reduktase aus *Arabidopsis thaliana* (IytB/ISPH), ACCESSION
- 30 AY168881, (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 55, Protein: SEQ ID NO:56),

sowie weitere (E)-4-Hydroxy-3-Methylbut-2-enyl-Diphosphat-Reduktase -Gene aus anderen Organismen mit den folgenden Accession Nummern:

- 35 T04781, AF270978_1, NP_485028.1, NP_442089.1, NP_681832.1, ZP_00110421.1, ZP_00071594.1, ZP_00114706.1, ISPH_SYNY3, ZP_00114087.1, ZP_00104269.1, AF398145_1, AF398146_1, AAD55762.1, AF514843_1, NP_622970.1, NP_348471.1, NP_562001.1, NP_223698.1, NP_781941.1, ZP_00080042.1, NP_859669.1, NP_214191.1, ZP_00086191.1, ISPH_VIBCH, NP_230334.1, NP_742768.1,
- 40 NP_302306.1, ISPH_MYCLE, NP_602581.1, ZP_00026966.1, NP_520563.1,

- NP_253247.1, NP_282047.1, ZP_00038210.1, ZP_00064913.1, CAA61555.1,
 ZP_00125365.1, ISPH_ACICA, EAA24703.1, ZP_00013067.1, ZP_00029164.1,
 NP_790656.1, NP_217899.1, NP_641592.1, NP_636532.1, NP_719076.1,
 NP_660497.1, NP_422155.1, NP_715446.1, ZP_00090692.1, NP_759496.1,
 5 ISPH_BURPS, ZP_00129657.1, NP_215626.1, NP_335584.1, ZP_00135016.1,
 NP_789585.1, NP_787770.1, NP_769647.1, ZP_00043336.1, NP_242248.1,
 ZP_00008555.1, NP_246603.1, ZP_00030951.1, NP_670994.1, NP_404120.1,
 NP_540376.1, NP_733653.1, NP_697503.1, NP_840730.1, NP_274828.1,
 NP_796916.1, ZP_00123390.1, NP_824386.1, NP_737689.1, ZP_00021222.1,
 10 NP_757521.1, NP_390395.1, ZP_00133322.1, CAD76178.1, NP_600249.1,
 NP_454660.1, NP_712601.1, NP_385018.1, NP_751989.1

Beispiele für 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Synthase -Gene sind:

- 15 Eine Nukleinsäure, kodierend eine 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Synthase aus *Lycopersicon esculentum*, ACCESSION #AF143812 (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 57 , Protein: SEQ ID NO: 58),

- sowie weitere 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Synthase -Gene aus anderen Organismen mit den folgenden Accession Nummern:
- 20 AF143812_1, DXS_CAPAN, CAD22530.1, AF182286_1, NP_193291.1, T52289, AAC49368.1, AAP14353.1, D71420, DXS_ORYSA, AF443590_1, BAB02345.1, CAA09804.2, NP_850620.1, CAD22155.2, AAM65798.1, NP_566686.1, CAD22531.1, AAC33513.1, CAC08458.1, AAG10432.1, T08140, AAP14354.1, AF428463_1,
- 25 ZP_00010537.1, NP_769291.1, AAK59424.1, NP_107784.1, NP_697464.1, NP_540415.1, NP_196699.1, NP_384986.1, ZP_00096461.1, ZP_00013656.1, NP_353769.1, BAA83576.1, ZP_00005919.1, ZP_00006273.1, NP_420871.1, AAM48660.1, DXS_RHOCA, ZP_00045608.1, ZP_00031686.1, NP_841218.1, ZP_00022174.1, ZP_00086851.1, NP_742690.1, NP_520342.1, ZP_00082120.1,
- 30 NP_790545.1, ZP_00125266.1, CAC17468.1, NP_252733.1, ZP_00092466.1, NP_439591.1, NP_414954.1, NP_752465.1, NP_622918.1, NP_286162.1, NP_836085.1, NP_706308.1, ZP_00081148.1, NP_797065.1, NP_213598.1, NP_245469.1, ZP_00075029.1, NP_455016.1, NP_230536.1, NP_459417.1, NP_274863.1, NP_283402.1, NP_759318.1, NP_406652.1, DXS_SYNLE,
- 35 DXS_SYNP7, NP_440409.1, ZP_00067331.1, ZP_00122853.1, NP_717142.1, ZP_00104889.1, NP_243645.1, NP_681412.1, DXS_SYNEL, NP_637787.1, DXS_CHLTE, ZP_00129863.1, NP_661241.1, DXS_XANCP, NP_470738.1, NP_484643.1, ZP_00108360.1, NP_833890.1, NP_846629.1, NP_658213.1, NP_642879.1, ZP_00039479.1, ZP_00060584.1, ZP_00041364.1, ZP_00117779.1,

NP_299528.1

Beispiele für 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Reduktoisomerase-Gene sind:

- 5 Eine Nukleinsäure, kodierend eine 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Reduktoisomerase aus *Arabidopsis thaliana*, ACCESSION #AF148852, (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 59 , Protein: SEQ ID NO: 60),

sowie weitere 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Reduktoisomerase-Gene aus anderen

- 10 Organismen mit den folgenden Accession Nummern:

- AF148852, AY084775, AY054682, AY050802, AY045634, AY081453, AY091405, AY098952, AJ242588, AB009053, AY202991, NP_201085.1, T52570, AF331705_1, BAB16915.1, AF367205_1, AF250235_1, CAC03581.1, CAD22156.1, AF182287_1,
- 15 DXR_MENPI, ZP_00071219.1, NP_488391.1, ZP_00111307.1, DXR_SYNLE, AAP56260.1, NP_681831.1, NP_442113.1, ZP_00115071.1, ZP_00105106.1, ZP_00113484.1, NP_833540.1, NP_657789.1, NP_661031.1, DXR_BACHD, NP_833080.1, NP_845693.1, NP_562610.1, NP_623020.1, NP_810915.1, NP_243287.1, ZP_00118743.1, NP_464842.1, NP_470690.1, ZP_00082201.1,
- 20 NP_781898.1, ZP_00123667.1, NP_348420.1, NP_604221.1, ZP_00053349.1, ZP_00064941.1, NP_246927.1, NP_389537.1, ZP_00102576.1, NP_519531.1, AF124757_19, DXR_ZYMMO, NP_713472.1, NP_459225.1, NP_454827.1, ZP_00045738.1, NP_743754.1, DXR_PSEPK, ZP_00130352.1, NP_702530.1, NP_841744.1, NP_438967.1, AF514841_1, NP_706118.1, ZP_00125845.1,
- 25 NP_404661.1, NP_285867.1, NP_240064.1, NP_414715.1, ZP_00094058.1, NP_791365.1, ZP_00012448.1, ZP_00015132.1, ZP_00091545.1, NP_629822.1, NP_771495.1, NP_798691.1, NP_231885.1, NP_252340.1, ZP_00022353.1, NP_355549.1, NP_420724.1, ZP_00085169.1, EAA17616.1, NP_273242.1, NP_219574.1, NP_387094.1, NP_296721.1, ZP_00004209.1, NP_823739.1,
- 30 NP_282934.1, BAA77848.1, NP_660577.1, NP_760741.1, NP_641750.1, NP_636741.1, NP_829309.1, NP_298338.1, NP_444964.1, NP_717246.1, NP_224545.1, ZP_00038451.1, DXR_KITGR, NP_778563.1.

Beispiele für Isopentenyl-Diphosphat- Δ -Isomerase-Gene sind:

35

- Eine Nukleinsäure, kodierend eine Isopentenyl-Diphosphat- Δ -Isomerase aus *Adonis palaestina* clone ApIP128, (ipiAa1), ACCESSION #AF188060, veröffentlicht durch Cunningham, F.X. Jr. and Gantt, E.: Identification of multi-gene families encoding isopentenyl diphosphate isomerase in plants by heterologous complementation in *Escherichia coli*, *Plant Cell Physiol.* 41 (1), 119-123 (2000) (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 61; Protein:
- 40

SEQ ID NO: 62),

sowie weitere Isopentenyl-Diphosphat- Δ -Isomerase-Gene aus anderen Organismen mit den folgenden Accession Nummern:

5

Q38929, O48964, Q39472, Q13907, O35586, P58044, O42641, O35760, Q10132, P15496, Q9YB30, Q8YNH4, Q42553, O27997, P50740, O51627, O48965, Q8KFR5, Q39471, Q39664, Q9RVE2, Q01335, Q9HHE4, Q9BXS1, Q9KWF6, Q9CIF5, Q88WB6, Q92BX2, Q8Y7A5, Q8TT35, Q9KK75, Q8NN99, Q8XD58, Q8FE75,

10

Q46822, Q9HP40, P72002, P26173, Q9Z5D3, Q8Z3X9, Q8ZM82, Q9X7Q6, O13504, Q9HFW8, Q8NJL9, Q9UUQ1, Q9NH02, Q9M6K9, Q9M6K5, Q9FXR6, O81691, Q9S7C4, Q8S3L8, Q9M592, Q9M6K3, Q9M6K7, Q9FV48, Q9LLB6, Q9AVJ1,

Q9AVG8, Q9M6K6, Q9AVJ5, Q9M6K2, Q9AYS5, Q9M6K8, Q9AVG7, Q8S3L7, Q8W250, Q94IE1, Q9AVI8, Q9AYS6, Q9SAY0, Q9M6K4, Q8GVZ0, Q84RZ8,

15

Q8KZ12, Q8KZ66, Q8FND7, Q88QC9, Q8BFZ6, BAC26382, CAD94476.

Beispiele für Geranyl-Diphosphat-Synthase -Gene sind:

20 Eine Nukleinsäure, kodierend eine Geranyl-Diphosphat-Synthase aus *Arabidopsis thaliana*, ACCESSION #Y17376, Bouvier, F., Suire, C., d'Harlingue, A., Backhaus, R.A. and Camara, B.; Molecular cloning of geranyl diphosphate synthase and compartmentation of monoterpene synthesis in plant cells, *Plant J.* 24 (2), 241-252 (2000) (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 63, Protein: SEQ ID NO: 64),

25 sowie weitere Geranyl-Diphosphat-Synthase-Gene aus anderen Organismen mit den folgenden Accession Nummern:

Q9FT89, Q8LKJ2, Q9FSW8, Q8LKJ3, Q9SBR3, Q9SBR4, Q9FET8, Q8LKJ1, Q84LG1, Q9JK86

30

Beispiele für Farnesyl-Diphosphat-Synthase-Gene sind:

35 Eine Nukleinsäure, kodierend eine Farnesyl-Diphosphat-Synthase aus *Arabidopsis thaliana* (FPS1), ACCESSION #U80605, veröffentlicht durch Cunillera, N., Arro, M., Delourme, D., Karst, F., Boronat, A. und Ferrer, A.: *Arabidopsis thaliana* contains two differentially expressed farnesyl-diphosphate synthase genes, *J. Biol. Chem.* 271 (13), 7774-7780 (1996), (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 65, Protein: SEQ ID NO: 66),

sowie weitere Farnesyl-Diphosphat-Synthase-Gene aus anderen Organismen mit den folgenden Accession Nummern:

5 P53799, P37268, Q02769, Q09152, P49351, O24241, Q43315, P49352, O24242, P49350, P08836, P14324, P49349, P08524, O66952, Q08291, P54383, Q45220, P57537, Q8K9A0, P22939, P45204, O66126, P55539, Q9SWH9, Q9AVI7, Q9FRX2, Q9AYS7, Q94IE8, Q9FXR9, Q9ZWF6, Q9FXR8, Q9AR37, O50009, Q94IE9, Q8RVK7, Q8RVQ7, O04882, Q93RA8, Q93RB0, Q93RB4, Q93RB5, Q93RB3, Q93RB1, Q93RB2, Q920E5.

10

Beispiele für Geranyl-geranyl-Diphosphat-Synthase -Gene sind:

15 Eine Nukleinsäure, kodierend eine Geranyl-geranyl-Diphosphat-Synthase aus *Sinaps alba*, ACCESSION #X98795, veröffentlicht durch Bonk, M., Hoffmann, B., Von Lintig, J., Schledz, M., Al-Babili, S., Hobeika, E., Kleinig, H. and Beyer, P.: Chloroplast import of four carotenoid biosynthetic enzymes in vitro reveals differential fates prior to membrane binding and oligomeric assembly, *Eur. J. Biochem.* 247 (3), 942-950 (1997), (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 67, Protein: SEQ ID NO: 68),

20 sowie weitere Geranyl-geranyl-Diphosphat-Synthase-Gene aus anderen Organismen mit den folgenden Accession Nummern:

25 P22873, P34802, P56966, P80042, Q42698, Q92236, O95749, Q9WTN0, Q50727, P24322, P39464, Q9FXR3, Q9AYN2, Q9FXR2, Q9AVG6, Q9FRW4, Q9SXZ5, Q9AVJ7, Q9AYN1, Q9AVJ4, Q9FXR7, Q8LSC5, Q9AVJ6, Q8LSC4, Q9AVJ3, Q9SSU0, Q9SXZ6, Q9SST9, Q9AVJ0, Q9AVI9, Q9FRW3, Q9FXR5, Q94IF0, Q9FRX1, Q9K567, Q93RA9, Q93QX8, CAD95619, EAA31459

30 Beispiele für Phytoen-Synthase-Gene sind:

35 Eine Nukleinsäure, kodierend eine Phytoen-Synthase aus *Erwinia uredovora*, ACCESSION # D90087; veröffentlicht durch Misawa, N., Nakagawa, M., Kobayashi, K., Yamano, S., Izawa, Y., Nakamura, K. und Harashima, K.: Elucidation of the *Erwinia uredovora* carotenoid biosynthetic pathway by functional analysis of gene products expressed in *Escherichia coli*; *J. Bacteriol.* 172 (12), 6704-6712 (1990), (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 69, Protein: SEQ ID NO: 70),

40 sowie weitere Phytoen-Synthase -Gene aus anderen Organismen mit den folgenden Accession Nummern:

CAB39693, BAC69364, AAF10440, CAA45350, BAA20384, AAM72615, BAC09112, CAA48922, P_001091, CAB84588, AAF41518, CAA48155, AAD38051, AAF33237, AAG10427, AAA34187, BAB73532, CAC19567, AAM62787, CAA55391, AAB65697, AAM45379, CAC27383, AAA32836, AAK07735, BAA84763, P_000205, AAB60314, 5 P_001163, P_000718, AAB71428, AAA34153, AAK07734, CAA42969, CAD76176, CAA68575, P_000130, P_001142, CAA47625, CAA85775, BAC14416, CAA79957, BAC76563, P_000242, P_000551, AAL02001, AAK15621, CAB94795, AAA91951, P_000448

10 Beispiele für Phytoen-Desaturase-Gene sind:

Eine Nukleinsäure, kodierend eine Phytoen-Desaturase aus *Erwinia uredovora*, AC-
 CESSION # D90087; veröffentlicht durch Misawa,N., Nakagawa,M., Kobayashi,K.,
 Yamano,S., Izawa,Y., Nakamura,K. und Harashima,K.: Elucidation of the *Erwinia ure-*
 15 *dovora* carotenoid biosynthetic pathway by functional analysis of gene products ex-
 pressed in *Escherichia coli*; J. Bacteriol. 172 (12), 6704-6712 (1990), (Nukleinsäure:
 SEQ ID NO: 71, Protein: SEQ ID NO: 72),

sowie weitere Phytoen-Desaturase -Gene aus anderen Organismen mit den folgenden
 20 Accession Nummern:

AAL15300, A39597, CAA42573, AAK51545, BAB08179, CAA48195, BAB82461,
 AAK92625, CAA55392, AAG10426, AAD02489, AAO24235, AAC12846, AAA99519,
 AAL38046, CAA60479, CAA75094, ZP_001041, ZP_001163, CAA39004, CAA44452,
 25 ZP_001142, ZP_000718, BAB82462, AAM45380, CAB56040, ZP_001091, BAC09113,
 AAP79175, AAL80005, AAM72642, AAM72043, ZP_000745, ZP_001141, BAC07889,
 CAD55814, ZP_001041, CAD27442, CAE00192, ZP_001163, ZP_000197, BAA18400,
 AAG10425, ZP_001119, AAF13698, 2121278A, AAB35386, AAD02462, BAB68552,
 CAC85667, AAK51557, CAA12062, AAG51402, AAM63349, AAF85796, BAB74081,
 30 AAA91161, CAB56041, AAC48983, AAG14399, CAB65434, BAB73487, ZP_001117,
 ZP_000448, CAB39695, CAD76175, BAC69363, BAA17934, ZP_000171, AAF65586,
 ZP_000748, BAC07074, ZP_001133, CAA64853, BAB74484, ZP_001156, AAF23289,
 AAG28703, AAP09348, AAM71569, BAB69140, ZP_000130, AAF41516, AAG18866,
 CAD95940, NP_656310, AAG10645, ZP_000276, ZP_000192, ZP_000186,
 35 AAM94364, EAA31371, ZP_000612, BAC75676, AAF65582

Beispiele für Zeta-Carotin-Desaturase-Gene sind:

Eine Nukleinsäure, kodierend eine Zeta-Carotin-Desaturase aus *Narcissus pseudonar-*
 40 *cissus*, ACCESSION #AJ224683, veröffentlicht durch Al-Babili,S., Oelschlegel,J. and

Beyer, P.: A cDNA encoding for beta carotene desaturase (Accession No. AJ224683) from *Narcissus pseudonarcissus* L.. (PGR98-103), *Plant Physiol.* 117, 719-719 (1998), (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 73, Protein: SEQ ID NO: 74),

- 5 sowie weitere Zeta-Carotin-Desaturase-Gene aus anderen Organismen mit den folgenden Accession Nummern:

Q9R6X4, Q38893, Q9SMJ3, Q9SE20, Q9ZTP4, O49901, P74306, Q9FV46, Q9RCT2, ZDS_NARPS, BAB68552.1, CAC85667.1, AF372617_1, ZDS_TARER, CAD55814.1, 10 CAD27442.1, 2121278A, ZDS_CAPAN, ZDS_LYCES, NP_187138.1, AAM63349.1, ZDS_ARATH, AAA91161.1, ZDS_MAIZE, AAG14399.1, NP_441720.1, NP_486422.1, ZP_00111920.1, CAB56041.1, ZP_00074512.1, ZP_00116357.1, NP_681127.1, ZP_00114185.1, ZP_00104126.1, CAB65434.1, NP_662300.1

- 15 Beispiele für crtISO-Gene sind:

Eine Nukleinsäure, kodierend eine crtISO aus *Lycopersicon esculentum*; ACCESSION #AF416727, veröffentlicht durch Isaacson, T., Ronen, G., Zamir, D. and Hirschberg, J.: Cloning of tangerine from tomato reveals a carotenoid isomerase essential for the pro- 20 duction of beta-carotene and xanthophylls in plants; *Plant Cell* 14 (2), 333-342 (2002), (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 75, Protein: SEQ ID NO: 76),

sowie weitere crtISO -Gene aus anderen Organismen mit den folgenden Accession Nummern:

25 AAM53952

Beispiele für FtsZ-Gene sind:

30 Eine Nukleinsäure, kodierend eine FtsZ aus *Tagetes erecta*, ACCESSION #AF251346, veröffentlicht durch Moehs, C.P., Tian, L., Osteryoung, K.W. and Dellapenna, D.: Analysis of carotenoid biosynthetic gene expression during marigold petal development *Plant Mol. Biol.* 45 (3), 281-293 (2001), (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 77, Protein: SEQ ID NO: 78),

35 sowie weitere FtsZ -Gene aus anderen Organismen mit den folgenden Accession Nummern:

40 CAB89286.1, AF205858_1, NP_200339.1, CAB89287.1, CAB41987.1, AAA82068.1, T06774, AF383876_1, BAC57986.1, CAD22047.1, BAB91150.1, ZP_00072546.1,

- NP_440816.1, T51092, NP_683172.1, BAA85116.1, NP_487898.1, JC4289, BAA82871.1, NP_781763.1, BAC57987.1, ZP_00111461.1, T51088, NP_190843.1, ZP_00060035.1, NP_846285.1, AAL07180.1, NP_243424.1, NP_833626.1, AAN04561.1, AAN04557.1, CAD22048.1, T51089, NP_692394.1, NP_623237.1,
- 5 NP_565839.1, T51090, CAA07676.1, NP_113397.1, T51087, CAC44257.1, E84778, ZP_00105267.1, BAA82091.1, ZP_00112790.1, BAA96782.1, NP_348319.1, NP_471472.1, ZP_00115870.1, NP_465556.1, NP_389412.1, BAA82090.1, NP_562681.1, AAM22891.1, NP_371710.1, NP_764416.1, CAB95028.1, FTSZ_STRGR, AF120117_1, NP_827300.1, JE0282, NP_626341.1, AAC45639.1,
- 10 NP_785689.1, NP_336679.1, NP_738660.1, ZP_00057764.1, AAC32265.1, NP_814733.1, FTSZ_MYCKA, NP_216666.1, CAA75616.1, NP_301700.1, NP_601357.1, ZP_00046269.1, CAA70158.1, ZP_00037834.1, NP_268026.1, FTSZ_ENTHR, NP_787643.1, NP_346105.1, AAC32264.1, JC5548, AAC95440.1, NP_710793.1, NP_687509.1, NP_269594.1, AAC32266.1, NP_720988.1,
- 15 NP_657875.1, ZP_00094865.1, ZP_00080499.1, ZP_00043589.1, JC7087, NP_660559.1, AAC46069.1, AF179611_14, AAC44223.1, NP_404201.1.

Beispiele für MinD -Gene sind:

- 20 Eine Nukleinsäure, kodierend eine MinD aus *Tagetes erecta*, ACCESSION #AF251019, veröffentlicht durch Moehs, C.P., Tian, L., Osteryoung, K.W. und Dellapenna, D.: Analysis of carotenoid biosynthetic gene expression during marigold petal development; Plant Mol. Biol. 45 (3), 281-293 (2001), (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 79, Protein: SEQ ID NO: 80),

25

sowie weitere MinD -Gene mit den folgenden Accession Nummern:

- NP_197790.1, BAA90628.1, NP_038435.1, NP_045875.1, AAN33031.1, NP_050910.1, CAB53105.1, NP_050687.1, NP_682807.1, NP_487496.1,
- 30 ZP_00111708.1, ZP_00071109.1, NP_442592.1, NP_603083.1, NP_782631.1, ZP_00097367.1, ZP_00104319.1, NP_294476.1, NP_622555.1, NP_563054.1, NP_347881.1, ZP_00113908.1, NP_834154.1, NP_658480.1, ZP_00059858.1, NP_470915.1, NP_243893.1, NP_465069.1, ZP_00116155.1, NP_390677.1, NP_692970.1, NP_298610.1, NP_207129.1, ZP_00038874.1, NP_778791.1,
- 35 NP_223033.1, NP_641561.1, NP_636499.1, ZP_00088714.1, NP_213595.1, NP_743889.1, NP_231594.1, ZP_00085067.1, NP_797252.1, ZP_00136593.1, NP_251934.1, NP_405629.1, NP_759144.1, ZP_00102939.1, NP_793645.1, NP_699517.1, NP_460771.1, NP_860754.1, NP_456322.1, NP_718163.1, NP_229666.1, NP_357356.1, NP_541904.1, NP_287414.1, NP_660660.1,
- 40 ZP_00128273.1, NP_103411.1, NP_785789.1, NP_715361.1, AF149810_1,

NP_841854.1, NP_437893.1, ZP_00022726.1, EAA24844.1, ZP_00029547.1,
NP_521484.1, NP_240148.1, NP_770852.1, AF345908_2, NP_777923.1,
ZP_00048879.1, NP_579340.1, NP_143455.1, NP_126254.1, NP_142573.1,
NP_613505.1, NP_127112.1, NP_712786.1, NP_578214.1, NP_069530.1,
5 NP_247526.1, AAA85593.1, NP_212403.1, NP_782258.1, ZP_00058694.1,
NP_247137.1, NP_219149.1, NP_276946.1, NP_614522.1, ZP_00019288.1,
CAD78330.1

10 Die Erfindung betrifft ferner eine genetisch veränderte Pflanze der Gattung Tagetes, wobei die genetische Veränderung zu einer Erhöhung oder Verursachung der Expressionsrate mindestens eines Gens im Vergleich zum Wildtyp führt und bedingt ist durch die Regulation der Expression dieses Gens in der Pflanze durch die erfindungsgemäßen Promotoren.

15 Wie vorstehend erwähnt, wird unter „Expressionsaktivität“ erfindungsgemäß die in einer bestimmten Zeit durch den Promotor gebildete Menge Protein, also die Expressionsrate verstanden.

20 Unter „spezifischer Expressionsaktivität“ wird erfindungsgemäß die in einer bestimmten Zeit durch den Promotor gebildete Menge Protein pro Promotor verstanden.

25 Bei einer „verursachten Expressionsaktivität“ oder „verursachten Expressionsrate“ im Bezug auf ein Gen im Vergleich zum Wildtyp wird somit im Vergleich zum Wildtyp die Bildung eines Proteins verursacht, das im Wildtyp der Pflanze der Gattung Tagetes nicht vorhanden war.

30 Beispielsweise weisen Wildtyp-Pflanzen der Gattung Tagetes kein Ketolase-Gen auf. Die Regulation der Expression des Ketolase-Gens in der Pflanze durch die erfindungsgemäßen Promotoren führt somit zu einer Verursachung der Expressionsrate.

Bei einer „erhöhten Expressionsaktivität“ oder „erhöhten Expressionsrate“ im Bezug auf ein Gen im Vergleich zum Wildtyp wird somit im Vergleich zum Wildtyp der Pflanze der Gattung Tagetes in einer bestimmten Zeit die gebildete Menge des Proteins erhöht.

35 Beispielsweise weisen Wildtyp-Pflanzen der Gattung Tagetes ein Hydroxylase-Gen auf. Die Regulation der Expression des Hydroxylase-Gens in der Pflanze durch die erfindungsgemäßen Promotoren führt somit zu einer Erhöhung der Expressionsrate.

40 In einer bevorzugten Ausführungsform der erfindungsgemäßen genetisch veränderten Pflanzen der Gattung Tagetes wird die Regulation der Expression von Genen in der

Pflanze durch die erfindungsgemäßen Promotoren dadurch erreicht, dass man

5 a) einen oder mehrere erfindungsgemäße Promotoren in das Genom der Pflanze einbringt, so dass die Expression eines oder mehrerer endogenen Gene unter der Kontrolle der eingebrachten erfindungsgemäßen Promotoren erfolgt oder

10 b) ein oder mehrere Gene in das Genom der Pflanze einbringt, so dass die Expression eines oder mehrerer der eingebrachten Gene unter der Kontrolle der endogenen, erfindungsgemäßen Promotoren erfolgt oder

c) ein oder mehrere Nukleinsäurekonstrukte, enthaltend mindestens einen erfindungsgemäßen Promotor und funktionell verknüpft eine oder mehrere zu exprimierende Gene in die Pflanze einbringt.

15 In einer bevorzugten Ausführungsform bringt man gemäß Merkmal c) ein oder mehrere Nukleinsäurekonstrukte, enthaltend mindestens einen erfindungsgemäßen Promotor und funktionell verknüpft eine oder mehrere zu exprimierende Gene, in die Pflanze ein. Die Integration der Nukleinsäurekonstrukte in der Pflanze der Gattung *Tagetes* kann dabei intrachromosomal oder extrachromosomal erfolgen.

20 Bevorzugte erfindungsgemäße Promotoren und bevorzugte zu exprimierende Gene (Effektgene) sind vorstehend beschrieben.

25 Im folgenden wird exemplarisch die Herstellung der genetisch veränderten Pflanzen der Gattung *Tagetes* mit erhöhter oder verursachter Expressionsrate eines Effektgens beschrieben.

Die Transformation kann bei den Kombinationen von genetischen Veränderungen einzeln oder durch Mehrfachkonstrukte erfolgen.

30 Die Herstellung der transgenen Pflanzen erfolgt vorzugsweise durch Transformation der Ausgangspflanzen, mit einem Nukleinsäurekonstrukt, das mindestens einen der vorstehend beschriebenen, erfindungsgemäßen Promotoren enthält, die mit einem zu exprimierenden Effektgen und gegebenenfalls weiteren Regulationssignalen funktionell verknüpft sind.

35 Diese Nukleinsäurekonstrukte, in denen die erfindungsgemäßen Promotoren und Effektgene funktionell verknüpft sind, werden im folgenden auch Expressionskassetten genannt.

- Die Expressionskassetten können weitere Regulationssignale enthalten, also regulative Nukleinsäuresequenzen, welche die Expression der Effektgene in der Wirtszelle steuern. Gemäß einer bevorzugten Ausführungsform umfasst eine Expressionskassette stromaufwärts, d.h. am 5'-Ende der kodierenden Sequenz, mindestens einen erfindungsgemäßen Promotor und stromabwärts, d.h. am 3'-Ende, ein Polyadenylierungssignal und gegebenenfalls weitere regulatorische Elemente, welche mit der dazwischenliegenden kodierenden Sequenz des Effektgens für mindestens eines der vorstehend beschriebenen Gene operativ verknüpft sind.
- 5
- 10 Unter einer operativen Verknüpfung versteht man die sequenzielle Anordnung von Promotor, kodierender Sequenz, Terminator und ggf. weiterer regulativer Elemente derart, das jedes der regulativen Elemente seine Funktion bei der Expression der kodierenden Sequenz bestimmungsgemäß erfüllen kann.
- 15 Im folgenden werden beispielhaft die bevorzugten Nukleinsäurekonstrukte, Expressionskassetten und Vektoren für Pflanzen und Verfahren zur Herstellung von transgenen Pflanzen, sowie die transgenen Pflanzen der Gattung *Tagetes* selbst beschrieben.
- Die zur operativen Verknüpfung bevorzugten, aber nicht darauf beschränkten Sequenzen, sind Targeting-Sequenzen zur Gewährleistung der subzellulären Lokalisation im Apoplasten, in der Vakuole, in Plastiden, im Mitochondrium, im Endoplasmatischen Retikulum (ER), im Zellkern, in Ölkörperchen oder anderen Kompartimenten und Translationsverstärkern wie die 5'-Führungssequenz aus dem Tabak-Mosaik-Virus (Gallie et al., Nucl. Acids Res. 15 (1987), 8693 -8711).
- 20
- 25 Die Herstellung einer Expressionskassette erfolgt vorzugsweise durch Fusion mindestens eines erfindungsgemäßen Promotors mit mindestens einem Gen, vorzugsweise mit einem der vorstehend beschriebenen Effektgene, und vorzugsweise einer zwischen Promotor und Nukleinsäure-Sequenz inserierten Nukleinsäure, die für ein plastidenspezifisches Transitpeptid kodiert, sowie einem Polyadenylierungssignal nach gängigen Rekombinations- und Klonierungstechniken, wie sie beispielsweise in T. Maniatis, E.F. Fritsch und J. Sambrook, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY (1989) sowie in T.J. Silhavy, M.L. Berman und L.W. Enquist, Experiments with Gene Fusions, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY (1984) und in Ausubel, F.M. et al., Current Protocols in Molecular Biology, Greene Publishing Assoc. and Wiley-Interscience (1987), beschrieben sind.
- 30
- 35

Die vorzugsweise insertierte Nukleinsäuren, kodierend ein plastidäres Transitpeptid, gewährleisten die Lokalisation in Plastiden und insbesondere in Chromoplasten.

Es können auch Expressionskassetten verwendet werden, deren Nukleinsäure-

- 5 Sequenz für ein Effektgen-Produkt-Fusionsprotein kodiert, wobei ein Teil des Fusionsproteins ein Transitpeptid ist, das die Translokation des Polypeptides steuert. Bevorzugt sind für die Chromoplasten spezifische Transitpeptide, welche nach Translokation der Effektgene in die Chromoplasten vom Effektgenprodukt-Teil enzymatisch abgespalten werden.

10

Insbesondere bevorzugt ist das Transitpeptid, das von der plastidären *Nicotiana tabacum* Transketolase oder einem anderen Transitpeptid (z.B. dem Transitpeptid der kleinen Untereinheit der Rubisco (rbcS) oder der Ferredoxin NADP Oxidoreduktase als auch der Isopentenylpyrophosphat Isomerase-2 oder dessen funktionellem Äquivalent

15

Besonders bevorzugt sind Nukleinsäure-Sequenzen von drei Kassetten des Plastiden-Transitpeptids der plastidären Transketolase aus Tabak in drei Leserastern als KpnI/BamHI Fragmente mit einem ATG-Codon in der NcoI Schnittstelle:

20

pTP09

KpnI_GGTACCATGGCGTCTTCTTCTTCTCTCACTCTCTCTCAAGCTATCCTCTCTC
GTTCTGTCCCTCGCCATGGCTCTGCCTCTTCTTCTCAACTTTCCCCTTCTTCTCT-
25 CACTTTTTCCGGCCTTAAATCCAATCCCAATATCACCACCTCCCGCCGCCG-
TACTCCTTCCTCCGCCGCCGCCGCCGCCGTCGTAAGGTCACCGGC-
GATTCGTGCCTCAGCTGCAACCGAAACCATAGAGAAACTGAGACTGCGG-
GATCC_BamHI

30

pTP10

KpnI_GGTACCATGGCGTCTTCTTCTTCTCTCACTCTCTCTCAAGCTATCCTCTCTC
GTTCTGTCCCTCGCCATGGCTCTGCCTCTTCTTCTCAACTTTCCCCTTCTTCTCT-
CACTTTTTCCGGCCTTAAATCCAATCCCAATATCACCACCTCCCGCCGCCG-
35 TACTCCTTCCTCCGCCGCCGCCGCCGCCGTCGTAAGGTCACCGGC-
GATTCGTGCCTCAGCTGCAACCGAAACCATAGAGAAACTGAGACTGCGCTG-
GATCC_BamHI

pTP11

40

KpnI_GGTACCATGGCGTCTTCTTCTTCTCACTCTCTCTCAAGCTATCCTCTCTC
 GTTCTGTCCCTCGCCATGGCTCTGCCTCTTCTTCTCAACTTTCCCCTTCTTCTCT-
 CACTTTTTCCGGCCTTAAATCCAATCCCAATATCACCACCTCCCGCCGCCG-
 TACTCCTTCCTCCGCCGCCGCCGCCGCGTCGTAAGGTCACCGGC-
 5 GATTCGTGCCTCAGCTGCAACCGAAACCATAGAGAAAAGTGAAGTGCAGG-
 GATCC_BamHI

Weitere Beispiele für ein plastidäres Transitpeptid sind das Transitpeptid der plastidären Isopentenyl-pyrophosphat Isomerase-2 (IPP-2) aus *Arabidopsis thaliana* und das
 10 Transitpeptid der kleinen Untereinheit der Ribulosebiphosphat Carboxylase (rbcS) aus Erbse (Guerineau, F, Woolston, S, Brooks, L, Mullineaux, P (1988) An expression cassette for targeting foreign proteins into the chloroplasts. Nucl. Acids Res. 16: 11380).

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäuren können synthetisch hergestellt oder natürlich
 15 gewonnen sein oder eine Mischung aus synthetischen und natürlichen Nukleinsäure-Bestandteilen enthalten, sowie aus verschiedenen heterologen Genabschnitten verschiedener Organismen bestehen.

Bevorzugt sind, wie vorstehend beschrieben, synthetische Nukleotid-Sequenzen mit
 20 Kodons, die von Pflanzen bevorzugt werden. Diese von Pflanzen bevorzugten Kodons können aus Kodons mit der höchsten Proteinhäufigkeit bestimmt werden, die in den meisten interessanten Pflanzenspezies exprimiert werden.

Bei der Präparation einer Expressionskassette können verschiedene DNA-Fragmente
 25 manipuliert werden, um eine Nukleotid-Sequenz zu erhalten, die zweckmäßigerweise in der korrekten Richtung liest und die mit einem korrekten Leseraster ausgestattet ist. Für die Verbindung der DNA-Fragmente miteinander können an die Fragmente Adaptern oder Linker angesetzt werden.

Zweckmäßigerweise können die Promotor- und die Terminator-Regionen in Transkriptionsrichtung mit einem Linker oder Polylinker, der eine oder mehrere Restriktionsstellen für die Insertion dieser Sequenz enthält, versehen werden. In der Regel hat der Linker 1 bis 10, meistens 1 bis 8, vorzugsweise 2 bis 6 Restriktionsstellen. Im allgemeinen hat der Linker innerhalb der regulatorischen Bereiche eine Größe von weniger
 30 als 100 bp, häufig weniger als 60 bp, mindestens jedoch 5 bp. Der Promotor kann sowohl nativ bzw. homolog als auch fremdartig bzw. heterolog zur Wirtspflanze sein. Die Expressionskassette beinhaltet vorzugsweise in der 5'-3'-Transkriptionsrichtung den Promotor, eine kodierende Nukleinsäuresequenz oder ein Nukleinsäurekonstrukt und eine Region für die transkriptionale Termination. Verschiedene Terminationsbereiche

sind gegeneinander beliebig austauschbar.

Beispiele für einen Terminator sind der 35S-Terminator (Guerineau et al. (1988) Nucl Acids Res. 16: 11380), der nos Terminator (Depicker A, Stachel S; Dhaese P, Zambryski P, Goodman HM. Nopaline synthase: transcript mapping and DNA sequence. J Mol Appl Genet. 1982;1(6):561-73) oder der ocs Terminator (Gielen, J, de Beuckeleer, M, Seurinck, J, Debroek, H, de Greve, H, Lemmers, M, van Montagu, M, Schell, J (1984) The complete sequence of the TL-DNA of the *Agrobacterium tumefaciens* plasmid pTiAch5. EMBO J. 3: 835-846).

10 Ferner können Manipulationen, die passende Restriktionsschnittstellen bereitstellen oder die überflüssige DNA oder Restriktionsschnittstellen entfernen, eingesetzt werden. Wo Insertionen, Deletionen oder Substitutionen wie z.B. Transitionen und Transversionen in Frage kommen, können *in vitro*-Mutagenese, "primer-repair", Restriktion oder Ligation verwendet werden.

Bei geeigneten Manipulationen, wie z.B. Restriktion, "chewing-back" oder Auffüllen von Überhängen für "bluntends", können komplementäre Enden der Fragmente für die Ligation zur Verfügung gestellt werden.

20 Bevorzugte Polyadenylierungssignale sind pflanzliche Polyadenylierungssignale, vorzugsweise solche, die im wesentlichen T-DNA-Polyadenylierungssignale aus *Agrobacterium tumefaciens*, insbesondere des Gens 3 der T-DNA (Octopin Synthase) des Ti-Plasmids pTiACH5 entsprechen (Gielen et al., EMBO J. 3 (1984), 835 ff) oder funktionelle Äquivalente.

Die Übertragung von Fremdgenen in das Genom einer Pflanze wird als Transformation bezeichnet.

30 Dazu können an sich bekannte Methoden zur Transformation und Regeneration von Pflanzen aus Pflanzengewebe oder Pflanzenzellen zur transienten oder stabilen Transformation genutzt werden.

35 Geeignete Methoden zur Transformation von Pflanzen sind die Protoplastentransformation durch Polyethylenglykol-induzierte DNA-Aufnahme, das biolistische Verfahren mit der Genkanone – die sogenannte "particle bombardment" Methode, die Elektroporation, die Inkubation trockener Embryonen in DNA-haltiger Lösung, die Mikroinjektion und der, vorstehend beschriebene, durch *Agrobacterium* vermittelte Gentransfer. Die genannten Verfahren sind beispielsweise in B. Jenes et al., Techniques for Gene
40 Transfer, in: Transgenic Plants, Vol. 1, Engineering and Utilization, herausgegeben von

S.D. Kung und R. Wu, Academic Press (1993), 128-143 sowie in Potrykus, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol. 42 (1991), 205-225) beschrieben.

5 Vorzugsweise wird das zu exprimierende Konstrukt in einen Vektor kloniert, der geeignet ist, *Agrobacterium tumefaciens* zu transformieren, beispielsweise pBin19 (Bevan et al., Nucl. Acids Res. 12 (1984), 8711) oder besonders bevorzugt pSUN2, pSUN3, pSUN4 oder pSUN5 (WO 02/00900).

10 Mit einem Expressionsplasmid transformierte Agrobakterien können in bekannter Weise zur Transformation von Pflanzen verwendet werden, z.B. indem verwundete Blätter oder Blattstücke in einer Agrobakterienlösung gebadet und anschließend in geeigneten Medien kultiviert werden.

15 Zur bevorzugten Herstellung von genetisch veränderten Pflanzen, im folgenden auch transgene Pflanzen bezeichnet, wird die fusionierte Expressionskassette in einen Vektor, beispielsweise pBin19 oder insbesondere pSUN5 und pSUN3 kloniert, der geeignet ist, in *Agrobacterium tumefaciens* transformiert zu werden. Mit einem solchen Vektor transformierte Agrobakterien können dann in bekannter Weise zur Transformation von Pflanzen, insbesondere von Kulturpflanzen verwendet werden, indem beispielsweise
20 verwundete Blätter oder Blattstücke in einer Agrobakterienlösung gebadet und anschließend in geeigneten Medien kultiviert werden.

Die Transformation von Pflanzen durch Agrobakterien ist unter anderem bekannt aus F.F. White, Vectors for Gene Transfer in Higher Plants; in Transgenic Plants, Vol. 1, Engineering and Utilization, herausgegeben von S.D. Kung und R. Wu, Academic Press, 1993, S. 15-38. Aus den transformierten Zellen der verwundeten Blätter bzw.
25 Blattstücke können in bekannter Weise transgene Pflanzen regeneriert werden, die ein oder mehrere in die Expressionskassette integrierte Gene enthalten.

30 Zur Transformation einer Wirtspflanze mit einem oder mehreren erfindungsgemäßen Effektgenen wird eine Expressionskassette als Insertion in einen rekombinanten Vektor eingebaut, dessen Vektor-DNA zusätzliche funktionelle Regulationssignale, beispielsweise Sequenzen für Replikation oder Integration enthält. Geeignete Vektoren sind unter anderem in "Methods in Plant Molecular Biology and Biotechnology"
35 (CRC Press), Kap. 6/7, S. 71-119 (1993) beschrieben.

Unter Verwendung der oben zitierten Rekombinations- und Klonierungstechniken können die Expressionskassetten in geeignete Vektoren kloniert werden, die ihre Vermehrung, beispielsweise in *E. coli*, ermöglichen. Geeignete Klonierungsvektoren sind u.a.
40 pJIT117 (Guerineau et al. (1988) Nucl. Acids Res. 16 :11380), pBR332, pUC-Serien,

M13mp-Serien und pACYC184. Besonders geeignet sind binäre Vektoren, die sowohl in *E. coli* als auch in Agrobakterien replizieren können.

5 Die Erfindung betrifft daher weiterhin eine genetisch veränderte Pflanze der Gattung Tagetes, enthaltend einen erfindungsgemäßen Promotor und funktionell verknüpft ein zu exprimierendes Gen, mit der Maßgabe, dass Gene aus Pflanzen der Gattung Tagetes, die in Wildtyppflanzen der Gattung Tagetes von dem jeweiligen Promotor exprimiert werden, ausgenommen sind.

10 Bevorzugte erfindungsgemäße Promotoren und bevorzugte Effektgene sind vorstehend beschrieben.

Insbesondere bevorzugt sind Effektgene ausgewählt sind aus der Gruppe Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, Nukleinsäuren kodierend eine β -Hydroxylase, Nukleinsäuren kodierend eine β -Cyclase, Nukleinsäuren kodierend eine ϵ -Cyclase, Nukleinsäuren kodierend eine Epoxidase, Nukleinsäuren kodierend eine HMG-CoA-Reduktase, Nukleinsäuren kodierend eine (E)-4-Hydroxy-3-Methylbut-2-enyl-Diphosphat-Reduktase, Nukleinsäuren kodierend eine 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-
15 Reduktoisomerase, Nukleinsäuren kodierend eine Isopentenyl-Diphosphat- Δ -Isomerase, Nukleinsäuren kodierend eine Geranyl-Diphosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Farnesyl-Diphosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Geranyl-Geranyl-Diphosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Phytoen-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Phytoen-Desaturase, Nukleinsäuren kodierend eine
20 Prephytoen-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Zeta-Carotin-Desaturase, Nukleinsäuren kodierend ein crtISO Protein, Nukleinsäuren kodierend ein FtsZ Protein und Nukleinsäuren kodierend ein MinD Protein.

30 Bevorzugte, genetisch veränderte Pflanzen der Gattung Tagetes sind Marigold, Tagetes erecta, Tagetes patula, Tagetes lucida, Tagetes pringlei, Tagetes palmeri, Tagetes minuta oder Tagetes campanulata.

Durch die erfindungsgemäßen Promotoren ist es mit Hilfe der vorstehend beschriebenen, erfindungsgemäßen Verfahren möglich, in den vorstehend beschriebenen, erfindungsgemäßen genetisch veränderten Pflanzen der Gattung Tagetes die Stoffwechselwege zu spezifischen biosynthetischen Produkten zu regulieren.
35

Dazu werden beispielsweise Stoffwechselwege, die zu einem spezifischen biosynthetischen Produkt führen, durch Verursachung oder Erhöhung der Transkriptionsrate bzw.
40 Expressionsrate von Genen dieses Biosyntheseweges verstärkt, indem die erhöhte

Proteinmenge zu einer erhöhten Gesamtaktivität dieser Proteine des gewünschten Biosyntheseweges und damit durch einem verstärkten Stoffwechselfluß zu dem gewünschten biosynthetischen Produkt führt.

- 5 Je nach gewünschtem biosynthetischen Produkt muss die Transkriptionsrate bzw. Expressionsrate verschiedener Gene erhöht bzw. reduziert werden. In der Regel ist es vorteilhaft, die Transkriptionsrate bzw. Expressionsrate mehrere Gene zu verändern, d.h. die Transkriptionsrate bzw. Expressionsrate einer Kombination von Gene zu Erhöhen und/oder die Transkriptionsrate bzw. Expressionsrate einer Kombination von
- 10 Gene zu reduzieren.

In den erfindungsgemäßen genetisch veränderten Pflanzen ist mindestens eine erhöhte oder verursachte Expressionsrate eines Gens auf einen erfindungsgemäßen Promotor zurückzuführen.

- 15 Weitere, zusätzliche veränderte, d.h. zusätzlich erhöhte oder zusätzlich reduzierte Expressionsraten von weiteren Genen in genetisch veränderten Pflanzen können, müssen aber nicht auf die erfindungsgemäßen Promotoren zurück gehen.

- 20 Die Erfindung betrifft daher ein Verfahren zur Herstellung von biosynthetischen Produkten durch Kultivierung von erfindungsgemäßen, genetisch veränderten Pflanzen der Gattung Tagetes.

- Die Erfindung betrifft insbesondere ein Verfahren zur Herstellung von Carotinoiden
- 25 durch Kultivierung von erfindungsgemäßen genetisch veränderten Pflanzen der Gattung Tagetes, dadurch gekennzeichnet, dass die zu exprimierenden Gene ausgewählt sind aus der Gruppe Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, Nukleinsäuren kodierend eine β -Hydroxylase, Nukleinsäuren kodierend eine β -Cyclase, Nukleinsäuren kodierend eine ϵ -Cyclase, Nukleinsäuren kodierend eine Epoxidase, Nukleinsäuren kodierend eine HMG-CoA-Reduktase, Nukleinsäuren kodierend eine (E)-4-Hydroxy-3-Methylbut-2-enyl-Diphosphat-Reduktase, Nukleinsäuren kodierend eine 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Reduktoisomerase, Nukleinsäuren kodierend eine Isopentenyl-Diphosphat- Δ -Isomerase, Nukleinsäuren kodierend eine Geranyl-Diphosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Farnesyl-Diphosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Geranyl-Geranyl-Diphosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Phytoen-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Phytoen-Desaturase, Nukleinsäuren kodierend eine Prephytoen-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Zeta-Carotin-Desaturase, Nukleinsäuren kodierend ein crtISO Protein, Nukleinsäuren kodierend ein
- 30
- 35

FtsZ Protein und Nukleinsäuren kodierend ein MinD Protein.

Die Carotinoide sind vorzugsweise ausgewählt aus der Gruppe Phytoen, Phytoflu-
Lycopin, Lutein, Zeaxanthin, Astaxanthin, Canthaxanthin, Echinenon, 3-

5 Hydroxyechinenon, 3'-Hydroxyechinenon, Adonirubin, Violaxanthin und Adonixanthin.

Insbeondere betrifft die Erfindung weiterhin ein Verfahren zur Herstellung von Ketoca-
rotinoiden durch Kultivierung von erfindungsgemäßen genetisch veränderten Pflanzen
der Gattung Tagetes, dadurch gekennzeichnet, dass die zu exprimierenden Gene

10 ausgewählt sind aus der Gruppe Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase,
Nukleinsäuren kodierend eine β -Hydroxylase, Nukleinsäuren kodierend eine β -
Cyclase, Nukleinsäuren kodierend eine ϵ -Cyclase, Nukleinsäuren kodierend eine
Epoxidase, Nukleinsäuren kodierend eine HMG-CoA-Reduktase, Nukleinsäuren
kodierend eine (E)-4-Hydroxy-3-Methylbut-2-enyl-Diphosphat-Reduktase,
15 Nukleinsäuren kodierend eine 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Synthase, Nukleinsäuren
kodierend eine 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Reduktoisomerase, Nukleinsäuren
kodierend eine Isopentenyl-Diphosphat- Δ -Isomerase, Nukleinsäuren kodierend eine
Geranyl-Diphosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Farnesyl-Diphosphat-
Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Geranyl-Geranyl-Diphosphat-Synthase,
20 Nukleinsäuren kodierend eine Phytoen-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine
Phytoen-Desaturase, Nukleinsäuren kodierend eine Prephytoen-Synthase,
Nukleinsäuren kodierend eine Zeta-Carotin-Desaturase, Nukleinsäuren kodierend ein
crtISO Protein, Nukleinsäuren kodierend ein FtsZ Protein und Nukleinsäuren kodierend
ein MinD Protein.

25 Die Ketocarotinoide sind vorzugsweise ausgewählt aus der Gruppe Astaxanthin,
Canthaxanthin, Echinenon, 3-Hydroxyechinenon, 3'-Hydroxyechinenon, Adonirubin,
Violaxanthin und Adonixanthin.

Im erfindungsgemäßen Verfahren zur Herstellung von biosynthetischen Produkten,
30 insbesondere Carotinoiden, vorzugsweise Ketocarotinoiden, wird vorzugsweise dem
Kultivierungsschritt der genetisch veränderten Pflanzen ein Ernten der Pflanzen und
ein Isolieren der biosynthetischen Produkte, insbesondere Carotinoide, vorzugsweise
Ketocarotinoide aus den Pflanzen, vorzugsweise aus den Petalen der Pflanzen, ange-
schlossen.

35 Die genetisch veränderten Pflanzen der Gattung Tagetes werden in an sich bekannter
Weise auf Nährböden gezogen und entsprechend geerntet.

Die Isolierung von Ketocarotinoiden aus den geernteten Blütenblättern erfolgt bei-
40 spielsweise in an sich bekannter Weise, beispielsweise durch Trocknung und an-

5 schließender Extraktion und gegebenenfalls weiterer chemischer oder physikalischer Reinigungsprozesse, wie beispielsweise Fällungsmethoden, Kristallographie, thermische Trennverfahren, wie Rektifizierverfahren oder physikalische Trennverfahren, wie beispielsweise Chromatographie. Die Isolierung von Ketocarotinoiden aus den Blütenblättern erfolgt beispielsweise bevorzugt durch organische Lösungsmittel wie Aceton, Hexan, Heptan, Ether oder tert.-Methylbutylether.

10 Weitere Isolierverfahren von Ketocarotinoiden, insbesondere aus Blütenblättern, sind beispielsweise in Egger und Kleinig (Phytochemistry (1967) 6, 437-440) und Egger (Phytochemistry (1965) 4, 609-618) beschrieben.

Ein besonders bevorzugtes Ketocarotinoid ist Astaxanthin.

15 Die Ketocarotinoide fallen im erfindungsgemäßen Verfahren in Blütenblättern in Form ihrer Mono- oder Diester mit Fettsäuren an. Einige nachgewiesene Fettsäuren sind z.B. Myristinsäure, Palmitinsäure, Stearinsäure, Ölsäure, Linolensäure, und Laurinsäure (Kamata und Simpson (1987) Comp. Biochem. Physiol. Vol. 86B(3), 587-591).

20 Von Menschen und Tieren verzehrbare erfindungsgemäße, genetisch veränderte Pflanzen oder Pflanzenteile, wie insbesondere Blütenblätter mit erhöhtem Gehalt an biosynthetischen Produkten, insbesondere Carotinoide, insbesondere Ketocarotinoide, insbesondere Astaxanthin, können auch beispielsweise direkt oder nach an sich bekannter Prozessierung als Nahrungsmittel oder Futtermittel oder als Futter- und Nahrungsergänzungsmittel verwendet werden.

25 Ferner können die genetisch veränderten Pflanzen zur Herstellung von biosynthetischen Produkt-, insbesondere Carotinoid-, insbesondere Ketocarotinoid-, insbesondere Astaxanthin-haltigen Extrakten und/oder zur Herstellung von Futter- und Nahrungsergänzungsmitteln sowie von Kosmetika und Pharmazeutika verwendet werden.

30 Die genetisch veränderten Pflanzen der Gattung Tagetes weisen im Vergleich zum Wildtyp einen erhöhten Gehalt an dem gewünschten biosynthetischen Produkten, insbesondere Carotinoide, insbesondere Ketocarotinoide, insbesondere Astaxanthin auf.

35 Unter einem erhöhten Gehalt wird in diesem Fall auch ein verursachter Gehalt an Ketocarotinoiden, bzw. Astaxanthin verstanden.

Die Erfindung wird durch die nun folgenden Beispiele erläutert, ist aber nicht auf diese beschränkt:

40

Allgemeine Experimentelle Bedingungen:
Sequenzanalyse rekombinanter DNA

Die Sequenzierung rekombinanter DNA-Moleküle erfolgte mit einem Laserfluoreszenz-DNA-Sequenzierer der Firma Licor (Vertrieb durch MWG Biotech, Ebersbach) nach der Methode von Sanger (Sanger et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 74 (1977), 5463-5467).

Beispiel 1:

Amplifikation einer DNA, die die gesamte Primärsequenz der NOST-Ketolase aus *Nostoc sp. PCC 7120* kodiert

Die DNA, die für die NOST-Ketolase aus *Nostoc sp. PCC 7120* kodiert, wurde mittels PCR aus *Nostoc sp. PCC 7120* (Stamm der "Pasteur Culture Collection of Cyanobacterium") amplifiziert.

Für die Präparation von genomischer DNA aus einer Suspensionskultur von *Nostoc sp. PCC 7120*, die 1 Woche mit Dauerlicht und konstantem Schütteln (150 rpm) at 25°C in BG 11-Medium (1.5 g/l NaNO₃, 0.04 g/l K₂PO₄·3H₂O, 0.075 g/l MgSO₄·xH₂O, 0.036 g/l CaCl₂·2H₂O, 0.006 g/l citric acid, 0.006 g/l Ferric ammonium citrate, 0.001 g/l EDTA disodium magnesium, 0.04 g/l Na₂CO₃, 1ml trace metal mix A5+Co (2.86 g/l H₃BO₃, 1.81 g/l MnCl₂·4H₂O, 0.222 g/l ZnSO₄·7H₂O, 0.39 g/l NaMoO₄·2H₂O, 0.079 g/l CuSO₄·5H₂O, 0.0494 g/l Co(NO₃)₂·6H₂O)) gewachsen war, wurden die Zellen durch Zentrifugation geerntet, in flüssigem Stickstoff eingefroren und im Mörser pulverisiert.

Protokoll für DNA Isolation aus *Nostoc PCC7120*:

Aus einer 10 ml Flüssigkultur wurden die Bakterienzellen durch 10minütige Zentrifugation bei 8 000 rpm pelletiert. Anschließend wurden die Bakterienzellen in flüssigem Stickstoff mit einem Mörser zerstoßen und gemahlen. Das Zellmaterial wurde in 1 ml 10mM Tris HCl (pH 7.5) resuspendiert und in ein Eppendorf Reaktionsgefäß (2ml Volumen) überführt. Nach Zugabe von 100 µl Proteinase K (Konzentration: 20 mg/ml) wurde die Zellsuspension für 3 Stunden bei 37°C inkubiert. Anschließend wurde die Suspension mit 500 µl Phenol extrahiert. Nach 5minütiger Zentrifugation bei 13 000 upm wurde die obere, wässrige Phase in ein neues 2 ml-Eppendorf Reaktionsgefäß überführt. Die Extraktion mit Phenol wurde 3mal wiederholt. Die DNA wurde durch Zugabe von 1/10 Volumen 3 M Natriumacetat (pH 5.2) und 0.6 Volumen Isopropanol gefällt und anschließend mit 70% Ethanol gewaschen. Das DNA-Pellet wurde bei Raumtemperatur getrocknet, in 25 µl Wasser aufgenommen und unter Erhitzung auf 65°C

gelöst.

- Die Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase aus *Nostoc PCC 7120*, wurde mittels "polymerase chain reaction" (PCR) aus *Nostoc sp. PCC 7120* unter Verwendung eines
- 5 sense-spezifischen Primers (NOSTF, SEQ ID No. 79) und eines antisense-spezifischen Primers (NOSTG SEQ ID No. 80) amplifiziert.

Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

- 10 Die PCR zur Amplifikation der DNA, die für ein Ketolase Protein bestehend aus der gesamten Primärsequenz kodiert, erfolgte in einem 50 ul Reaktionsansatz, in dem enthalten war:
- 1 ul einer *Nostoc sp. PCC 7120* DNA (hergestellt wie oben beschrieben)
 - 15 - 0.25 mM dNTPs
 - 0.2 mM NOSTF (SEQ ID No. 79)
 - 0.2 mM NOSTG (SEQ ID No. 80)
 - 5 ul 10X PCR-Puffer (TAKARA)
 - 0.25 ul R-Taq Polymerase (TAKARA)
 - 20 - 25.8 ul Aq. Dest.

Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

- 1X94°C 2 Minuten
- 25 35X94°C 1 Minute
- 55°C 1 Minuten
- 72°C 3 Minuten
- 1X72°C 10 Minuten

- 30 Die PCR-Amplifikation mit SEQ ID No. 79 und SEQ ID No. 80 resultierte in einem 805 Bp-Fragment, das für ein Protein bestehend aus der gesamten Primärsequenz kodiert (SEQ ID No. 81). Unter Verwendung von Standardmethoden wurde das Amplifikat in den PCR-Klonierungsvektor pGEM-T (Promega) kloniert und der Klon pNOSTF-G erhalten.

- 35 Sequenzierung des Klons pNOSTF-G mit dem M13F- und dem M13R-Primer bestätigte eine Sequenz, welche mit der DNA-Sequenz von 88,886-89,662 des Datenbankeintrages AP003592 identisch ist. Diese Nukleotidsequenz wurde in einem unabhängigen Amplifikationsexperiment reproduziert und repräsentiert somit die Nukleotidsequenz im
- 40 verwendeten *Nostoc sp. PCC 7120*.

Beispiel 2

Amplifikation einer DNA, die die gesamte Primärsequenz der NP196-Ketolase aus
5 *Nostoc punctiforme* ATCC 29133 kodiert

Die DNA, die für die NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* ATCC 29133 kodiert,
wurde mittels PCR aus *Nostoc punctiforme* ATCC 29133 (Stamm der "American Type
Culture Collection") amplifiziert.

10

Für die Präparation von genomischer DNA aus einer Suspensionskultur von *Nostoc
punctiforme* ATCC 29133, die 1 Woche mit Dauerlicht und konstantem Schütteln (150
rpm) at 25°C in BG 11-Medium (1.5 g/l NaNO₃, 0.04 g/l K₂PO₄·3H₂O, 0.075 g/l
MgSO₄·xH₂O, 0.036 g/l CaCl₂·2H₂O, 0.006 g/l citric acid, 0.006 g/l Ferric ammonium
15 citrate, 0.001 g/l EDTA disodium magnesium, 0.04 g/l Na₂CO₃, 1ml Trace Metal Mix
"A5+Co" (2.86 g/l H₃BO₃, 1.81 g/l MnCl₂·4H₂O, 0.222 g/l ZnSO₄·7H₂O, 0.39 g/l Na-
MoO₄·2H₂O, 0.079 g/l CuSO₄·5H₂O, 0.0494 g/l Co(NO₃)₂·6H₂O)) gewachsen war,
wurden die Zellen durch Zentrifugation geerntet, in flüssigem Stickstoff eingefroren und
im Mörser pulverisiert.

20

Protokoll für die DNA-Isolation aus *Nostoc punctiforme* ATCC 29133:

Aus einer 10 ml Flüssigkultur wurden die Bakterienzellen durch 10 minütige Zentrifuga-
tion bei 8000 rpm pelletiert. Anschließend wurden die Bakterienzellen in flüssigem
25 Stickstoff mit einem Mörser zerstoßen und gemahlen. Das Zellmaterial wurde in 1 ml
10mM Tris-HCl (pH 7.5) resuspendiert und in ein Eppendorf-Reaktionsgefäß (2ml Vo-
lumen) überführt. Nach Zugabe von 100 µl Proteinase K (Konzentration: 20 mg/ml)
wurde die Zellsuspension für 3 Stunden bei 37°C inkubiert. Anschließend wurde die
Suspension mit 500 µl Phenol extrahiert. Nach 5minütiger Zentrifugation bei 13 000
30 upm wurde die obere, wässrige Phase in ein neues 2 ml-Eppendorf-Reaktionsgefäß
überführt. Die Extraktion mit Phenol wurde 3mal wiederholt. Die DNA wurde durch Zu-
gabe von 1/10 Volumen 3 M Natriumacetat (pH 5.2) und 0.6 Volumen Isopropanol ge-
fällt und anschließend mit 70% Ethanol-gewaschen. Das DNA-Pellet wurde bei Raum-
temperatur getrocknet, in 25 µl Wasser aufgenommen und unter Erhitzung auf 65°C
35 gelöst.

Die Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase aus *Nostoc punctiforme* ATCC 29133, wur-
de mittels "polymerase chain reaction" (PCR) aus *Nostoc punctiforme* ATCC 29133
unter Verwendung eines sense-spezifischen Primers (NP196-1, SEQ ID No. 82) und

eines antisense-spezifischen Primers (NP196-2 SEQ ID No. 83) amplifiziert.

Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

- 5 Die PCR zur Amplifikation der DNA, die für ein Ketolase Protein bestehend aus der gesamten Primärsequenz kodiert, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 1 µl einer *Nostoc punctiforme* ATCC 29133 DNA (hergestellt wie oben beschrieben)
- 10 - 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM NP196-1 (SEQ ID No. 82)
- 0.2 mM NP196-2 (SEQ ID No. 83)
- 5 µl 10X PCR-Puffer (TAKARA)
- 0.25 µl R Taq Polymerase (TAKARA)
- 15 - 25.8 µl Aq. Dest.

Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

- 1X94°C 2 Minuten
- 20 35X94°C 1 Minute
- 55°C 1 Minuten
- 72°C 3 Minuten
- 1X72°C 10 Minuten

- 25 Die PCR-Amplifikation mit SEQ ID No. 82 und SEQ ID No. 83 resultierte in einem 792 Bp-Fragment, das für ein Protein bestehend aus der gesamten Primärsequenz kodiert (NP196, SEQ ID No. 84). Unter Verwendung von Standardmethoden wurde das Amplifikat in den PCR-Klonierungsvektor pCR 2.1 (Invitrogen) kloniert und der Klon pNP196 erhalten.

- 30 Sequenzierung des Klons pNP196 mit dem M13F- und dem M13R-Primer bestätigte eine Sequenz, welche mit der DNA-Sequenz von 140.571-139.810 des Datenbank-eintrages NZ_AABC01000196 identisch ist (inverse orientiert zum veröffentlichten Datenbankeintrag) mit der Ausnahme, daß G in Position 140.571 durch A ersetzt wurde,
- 35 um ein Standard-Startkodon ATG zu erzeugen. Diese Nukleotidsequenz wurde in einem unabhängigen Amplifikationsexperiment reproduziert und repräsentiert somit die Nukleotidsequenz im verwendeten *Nostoc punctiforme* ATCC 29133.

- 40 Dieser Klon pNP196 wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJIT117(Guerineau et al. 1988, Nucl. Acids Res. 16: 11380) verwendet.

pJIT117 wurde modifiziert, indem der 35S-Terminator durch den OCS-Terminator (Octopine Synthase) des Ti-Plasmides pTi15955 von *Agrobacterium tumefaciens* (Datenbankeintrag X00493 von Position 12,541-12,350, Gielen et al. (1984) EMBO J. 3 835-846) ersetzt wurde.

Das DNA-Fragment, das die OCS-Terminatorregion beinhaltet, wurde mittels PCR unter Verwendung des Plasmides pHELLSGATE (Datenbankeintrag AJ311874, Wesley et al. (2001) Plant J. 27 581-590, nach Standardmethoden aus *E.coli* isoliert) sowie der Primer OCS-1 (SEQ ID No. 85) und OCS-2 (SEQ ID No. 86) hergestellt.

Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR zur Amplifikation der DNA, die die Octopin Synthase (OCS) Terminatorregion (SEQ ID No. 87) beinhaltet, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten waren:

- 100 ng pHELLSGATE plasmid DNA
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM OCS-1 (SEQ ID No. 85)
- 0.2 mM OCS-2 (SEQ ID No. 86)
- 5 µl 10X PCR-Puffer (Stratagene)
- 0.25 µl Pfu Polymerase (Stratagene)
- 28.8 µl Aq. Dest.

Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

1X94°C 2 Minuten

35X94°C 1 Minute

50°C 1 Minute

72°C 1 Minute

1X72°C 10 Minuten

Das 210 bp Amplifikat wurde unter Verwendung von Standardmethoden in den PCR-Klonierungsvektor pCR 2.1 (Invitrogen) kloniert und das Plasmid pOCS erhalten.

Sequenzierung des Klons pOCS bestätigte eine Sequenz, die mit einem Sequenzabschnitt auf dem Ti-Plasmid pTi15955 von *Agrobacterium tumefaciens* (Datenbankeintrag X00493) von Position 12.541 bis 12.350 übereinstimmt.

Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 210 bp Sall-XhoI Fragmentes aus pOCS und Ligierung in den Sall-XhoI geschnittenen Vektor pJIT117.

Dieser Klon heisst pJO und wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJONP196 verwendet.

5

Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 782 Bp SphI-Fragmentes aus pNP196 und Ligierung in den SphI geschnittenen Vektor pJO. Der Klon, der die NP196-Ketolase von *Nostoc punctiforme* in der korrekten Orientierung als N-terminale translationale Fusion mit dem rbcS Transitpeptid enthält, heisst pJONP196.

10

Beispiel 3:

Herstellung von Expressionsvektoren zur blütenspezifischen Expression der NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* ATCC 29133 in *Tagetes erecta*

15

Die Expression der NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* in *Tagetes erecta* erfolgte mit dem Transitpeptid rbcS aus Erbse (Anderson et al. 1986, Biochem J. 240:709-715). Die Expression erfolgte unter Kontrolle des blütenspezifischen Promoters EPSPS aus *Petunia hybrida* (Datenbankeintrag M37029: Nukleotidregion 7-1787; Benfey et al. (1990) Plant Cell 2: 849-856).

20

Das DNA Fragment, das die EPSPS Promoterregion (SEQ ID No. 88) aus *Petunia hybrida* beinhaltet, wurde mittels PCR unter Verwendung genomischer DNA (nach Standardmethoden aus *Petunia hybrida* isoliert) sowie der Primer EPSPS-1 (SEQ ID No. 89) und EPSPS-2 (SEQ ID No. 90) hergestellt.

25

Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR zur Amplifikation der DNA, die das EPSPS-Promoterfragment (Datenbankeintrag M37029: Nukleotidregion 7-1787) beinhaltet, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

30

- 100 ng genomischer DNA aus *A.thaliana*
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM EPSPS-1 (SEQ ID No. 89)
- 35 - 0.2 mM EPSPS-2 (SEQ ID No. 90)
- 5 µl 10X PCR-Puffer (Stratagene)
- 0.25 µl Pfu Polymerase (Stratagene)
- 28.8 µl Aq. Dest.

Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

- 1X94°C 2 Minuten
- 35X94°C 1 Minute
- 5 50°C 1 Minute
- 72°C 2 Minute
- 1X72°C 10 Minuten

- 10 Das 1773 Bp Amplifikat wurde unter Verwendung von Standardmethoden in den PCR-Klonierungsvektor pCR 2.1 (Invitrogen) kloniert und das Plasmid pEPSPS erhalten.

- 15 Sequenzierung des Klons pEPSPS bestätigte eine Sequenz, die sich lediglich durch zwei Deletion (Basen ctaagtttcagga in Position 46-58 der Sequenz M37029; Basen aaaaatat in Position 1422-1429 der Sequenz M37029) und die Basenaustausche (T statt G in Position 1447 der Sequenz M37029; A statt C in Position 1525 der Sequenz M37029; A statt G in Position 1627 der Sequenz M37029) von der publizierten EPSPS-Sequenz (Datenbankeintrag M37029: Nukleotidregion 7-1787) unterscheidet. Die zwei Deletionen und die zwei Basenaustausche an den Positionen 1447 und 1627 der Sequenz M37029 wurden in einem unabhängigen Amplifikationsexperiment reproduziert und repräsentieren somit die tatsächliche Nukleotidsequenz in den verwendeten Petunia hybrida Pflanzen.

- 20 Der Klon pEPSPS wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJONP196 verwendet.

- 25 Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 1763 Bp SacI-HindIII Fragmentes aus pEPSPS und Ligierung in den SacI-HindIII geschnittenen Vektor pJONP196. Der Klon, der den Promoter EPSPS anstelle des ursprünglichen Promoters d35S enthält, heisst pJOESP:NP196. Diese Expressionskassette enthält das Fragment NP196 in der korrekten Orientierung als N-terminale Fusion mit dem rbcS-Transitpeptid.

- 30 Zur Herstellung des Expressionsvektors MSP107 wurde das 2.961 KB bp SacI-XhoI Fragment aus pJOESP:NP196 mit dem SacI-XhoI geschnittenen Vektor pSUN3 ligiert. MSP 107 beinhaltet Fragment EPSPS den EPSPS Promoter (1761 bp), Fragment *rbcS* TP FRAGMENT das rbcS Transitpeptid aus Erbse (194 bp), Fragment NP196 KETO CDS (761 bp), kodierend für die *Nostoc punctiforme* NP196-Ketolase, Fragment OCS Terminator (192 bp) das Polyadenylierungssignal von Octopin-Synthase.

Die Herstellung einer Expressionsvektors für die Agrobacterium-vermittelte Transformation der EPSPS-kontrollierten NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* in *Tagetes erecta* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN5 (WO02/00900).

- 5 Zur Herstellung des Expressionsvektors MSP108 wurde das 2.961 KB bp SacI-XhoI Fragment aus pJOESP:NP196 mit dem SacI-XhoI geschnittenen Vektor pSUN5 ligiert. MSP 108 beinhaltet Fragment EPSPS den EPSPS Promoter (1761 bp), Fragment *rbcS TP FRAGMENT* das *rbcS* Transitpeptid aus Erbse (194 bp), Fragment *NP196 KETO CDS* (761 bp), kodierend für die *Nostoc punctiforme* NP196-Ketolase, Fragment *OCS Terminator* (192 bp) das Polyadenylierungssignal von Octopin-Synthase.
- 10

Beispiel 4:

Amplifikation einer DNA, die die gesamte Primärsequenz der NP195-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* ATCC 29133 kodiert

15

Die DNA, die für die NP195-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* ATCC 29133 kodiert, wurde mittels PCR aus *Nostoc punctiforme* ATCC 29133 (Stamm der "American Type Culture Collection") amplifiziert. Die Präparation von genomischer DNA aus einer Suspensionskultur von *Nostoc punctiforme* ATCC 29133 wurde in Beispiel 19 beschrieben.

20

Die Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase aus *Nostoc punctiforme* ATCC 29133, wurde mittels "polymerase chain reaction" (PCR) aus *Nostoc punctiforme* ATCC 29133 unter Verwendung eines sense-spezifischen Primers (NP195-1, SEQ ID No. 91) und eines antisense-spezifischen Primers (NP195-2 SEQ ID No. 92) amplifiziert.

25

Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

30

Die PCR zur Amplifikation der DNA, die für ein Ketolase Protein bestehend aus der gesamten Primärsequenz kodiert, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

35

- 1 µl einer *Nostoc punctiforme* ATCC 29133 DNA (hergestellt wie oben beschrieben)
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM NP195-1 (SEQ ID No. 91)
- 0.2 mM NP195-2 (SEQ ID No. 92)
- 5 µl 10X PCR-Puffer (TAKARA)
- 0.25 µl R Taq Polymerase (TAKARA)
- 25.8 µl Aq. Dest.

Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

- 1X94°C 2 Minuten
- 35X 94°C 1 Minute
- 5 55°C 1 Minuten
- 72°C 3 Minuten
- 1X72°C 10 Minuten

10 Die PCR-Amplifikation mit SEQ ID No. 91 und SEQ ID No. 92 resultierte in einem 819 Bp-Fragment, das für ein Protein bestehend aus der gesamten Primärsequenz kodiert (NP195, SEQ ID No. 93). Unter Verwendung von Standardmethoden wurde das Amplifikat in den PCR-Klonierungsvektor pCR 2.1 (Invitrogen) kloniert und der Klon pNP195 erhalten.

15 Sequenzierung des Klons pNP195 mit dem M13F- und dem M13R-Primer bestätigte eine Sequenz, welche mit der DNA-Sequenz von 55,604-56,392 des Datenbank-eintrages NZ_AABC010001965 identisch ist, mit der Ausnahme, daß T in Position 55.604 durch A ersetzt wurde, um ein Standard-Startkodon ATG zu erzeugen. Diese Nukleotidsequenz wurde in einem unabhängigen Amplifikationsexperiment reproduziert und repräsentiert somit die Nukleotidsequenz im verwendeten *Nostoc punctiforme* ATCC 29133.

25 Dieser Klon pNP195 wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJ0 (in Beispiel 6 beschrieben) verwendet. Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 809 Bp SphI-Fragmentes aus pNP195 und Ligierung in den SphI geschnittenen Vektor pJ0. Der Klon, der die NP195-Ketolase von *Nostoc punctiforme* in der korrekten Orientierung als N-terminale translationale Fusion mit dem rbcS Transitpeptid enthält, heisst pJONP195.

30 Beispiel 5:
Amplifikation einer DNA, die die gesamte Primärsequenz der NODK-Ketolase aus *Nodularia spumignea* NSOR10 kodiert.

35 Die DNA, die für die Ketolase aus *Nodularia spumignea* NSOR10 kodiert, wurde mittels PCR aus *Nodularia spumignea* NSOR10 amplifiziert.

Für die Präparation von genomischer DNA aus einer Suspensionskultur von *Nodularia spumignea* NSOR10, die 1 Woche mit Dauerlicht und konstantem Schütteln (150 rpm) at 25°C in BG 11-Medium (1.5 g/l NaNO₃, 0.04 g/l K₂PO₄·3H₂O, 0.075 g/l MgSO₄·xH₂O, 0.036 g/l CaCl₂·2H₂O, 0.006 g/l citric acid, 0.006 g/l Ferric ammonium citrate, 0.001 g/l

EDTA disodium magnesium, 0.04 g/l Na_2CO_3 , 1ml Trace Metal Mix "A5+Co" (2.86 g/l H_3BO_3 , 1.81 g/l $\text{MnCl}_2 \cdot 4\text{H}_2\text{O}$, 0.222 g/l $\text{ZnSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$, 0.39 g/l $\text{NaMoO}_4 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$, 0.079 g/l $\text{CuSO}_4 \cdot 5\text{H}_2\text{O}$, 0.0494 g/l $\text{Co}(\text{NO}_3)_2 \cdot 6\text{H}_2\text{O}$) gewachsen war, wurden die Zellen durch Zentrifugation geerntet, in flüssigem Stickstoff eingefroren und im Mörser pulverisiert.

5

Protokoll für die DNA-Isolation aus *Nodularia spumignea* NSOR10:

Aus einer 10 ml Flüssigkultur wurden die Bakterienzellen durch 10 minütige Zentrifugation bei 8000 rpm pelletiert. Anschließend wurden die Bakterienzellen in flüssigem Stickstoff mit einem Mörser zerstoßen und gemahlen. Das Zellmaterial wurde in 1 ml 10mM Tris_HCl (pH 7.5) resuspendiert und in ein Eppendorf-Reaktionsgefäß (2ml Volumen) überführt. Nach Zugabe von

10

100 µl Proteinase K (Konzentration: 20 mg/ml) wurde die Zellsuspension für 3 Stunden bei 37°C inkubiert. Anschließend wurde die Suspension mit 500 µl Phenol extrahiert.

15

Nach 5minütiger Zentrifugation bei 13 000 upm wurde die obere, wässrige Phase in ein neues 2 ml-Eppendorf-Reaktionsgefäß überführt. Die Extraktion mit Phenol wurde 3mal wiederholt. Die DNA wurde durch Zugabe von 1/10 Volumen 3 M Natriumacetat (pH 5.2) und 0.6 Volumen Isopropanol gefällt und anschließend mit 70% Ethanol gewaschen. Das DNA-Pellet wurde bei Raumtemperatur getrocknet, in 25 µl Wasser aufgenommen und unter Erhitzung auf 65°C gelöst.

20

Die Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase aus *Nodularia spumignea* NSOR10, wurde mittels "polymerase chain reaction" (PCR) aus *Nodularia spumignea* NSOR10 unter Verwendung eines sense-spezifischen Primers (NODK-1, SEQ ID No. 94) und eines antisense-spezifischen Primers (NODK-2 SEQ ID No. 95) amplifiziert.

25

Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR zur Amplifikation der DNA, die für ein Ketolase Protein bestehend aus der gesamten Primärsequenz kodiert, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

30

- 1 µl einer *Nodularia spumignea* NSOR10 DNA (hergestellt wie oben beschrieben)
- 0.25 mM dNTPs
- 35 - 0.2 mM NODK-1 (SEQ ID No. 94)
- 0.2 mM NODK-2 (SEQ ID No. 95)
- 5 µl 10X PCR-Puffer (TAKARA)
- 0.25 µl R Taq Polymerase (TAKARA)
- 25.8 µl Aq. Dest.

40

Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

- 1X94°C 2 Minuten
- 35X94°C 1 Minute
- 5 55°C 1 Minuten
- 72°C 3 Minuten
- 1X72°C 10 Minuten

Die PCR-Amplifikation mit SEQ ID No. 94 und SEQ ID No. 95 resultierte in einem 720 Bp-Fragment, das für ein Protein bestehend aus der gesamten Primärsequenz kodiert (NODK, SEQ ID No. 96). Unter Verwendung von Standardmethoden wurde das Amplifikat in den PCR-Klonierungsvektor pCR 2.1 (Invitrogen) kloniert und der Klon pNODK erhalten.

15 Sequenzierung des Klons pNODK mit dem M13F- und dem M13R-Primer bestätigte eine Sequenz, welche mit der DNA-Sequenz von 2130-2819 des Datenbank-eintrages AY210783 identisch ist (inverse orientiert zum veröffentlichten Datenbankeintrag). Diese Nukleotidsequenz wurde in einem unabhängigen Amplifikationsexperiment reproduziert und repräsentiert somit die Nukleotidsequenz im verwendeten *Nodularia spumignea* NSOR10.

Dieser Klon pNODK wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJ0 (in Beispiel 6 beschrieben) verwendet. Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 710 Bp SphI-Fragmentes aus pNODK und Ligierung in den SphI geschnittenen Vektor pJ0. Der Klon, der die NODK-Ketolase von *Nodularia spumignea* in der korrekten Orientierung als N-terminale translationale Fusion mit dem rbcS Transitpeptid enthält, heisst pJONODK.

30 Beispiel 6:
Herstellung von Expressionsvektoren zur blütenspezifischen Expression der NODK-Ketolase aus *Nodularia spumignea* NSOR10 in *Lycopersicon esculentum* und *Tagetes erecta*.

35 Die Expression der NODK-Ketolase aus *Nodularia spumignea* NSOR10 in *L. esculentum* und *Tagetes erecta* erfolgte mit dem Transitpeptid rbcS aus Erbse (Anderson et al. 1986, Biochem J. 240:709-715). Die Expression erfolgte unter Kontrolle des blütenspezifischen Promotors EPSPS aus *Petunia hybrida* (Datenbankeintrag M37029: Nukleotidregion 7-1787; Benfey et al. (1990) Plant Cell 2: 849-856).

40

Der Klon pEPSPS (in Beispiel 8 beschrieben) wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJONODK (in Beispiel 12 beschrieben) verwendet.

- 5 Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 1763 Bp SacI-HindIII Fragmentes aus pEPSPS und Ligierung in den SacI-HindIII geschnittenen Vektor pJONODK. Der Klon, der den Promoter EPSPS anstelle des ursprünglichen Promoters d35S enthält, heisst pJOESP:NODK. Diese Expressionskassette enthält das Fragment NODK in der korrekten Orientierung als N-terminale Fusion mit dem rbcS-Transitpeptid.
- 10 Die Herstellung eines Expressionsvektors für die Agrobacterium-vermittelte Transformation der EPSPS-kontrollierten NODK-Ketolase aus *Nodularia spumignea NSOR10* in *L. esculentum* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN3 (WO02/00900).
- 15 Zur Herstellung des Expressionsvektors MSP115 wurde das 2.889 KB bp SacI-XhoI Fragment aus pJOESP:NODK mit dem SacI-XhoI geschnittenen Vektor pSUN3 ligiert. MSP 115 beinhaltet Fragment EPSPS den EPSPS Promoter (1761 bp), Fragment *rbcS TP FRAGMENT* das rbcS Transitpeptid aus Erbse (194 bp), Fragment *NODK KETO CDS* (690 bp), kodierend für die *Nodularia spumignea NSOR10* NODK-Ketolase,
- 20 Fragment *OCS Terminator* (192 bp) das Polyadenylierungssignal von Octopin-Synthase.

- Die Herstellung einer Expressionsvektors für die Agrobacterium-vermittelte Transformation der EPSPS-kontrollierten NODK-Ketolase aus *Nodularia spumignea NSOR10*
- 25 in *Tagetes erecta* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN5 (WO02/00900).

- Zur Herstellung des Expressionsvektors MSP116 wurde das 2.889 KB bp SacI-XhoI Fragment aus pJOESP:NODK mit dem SacI-XhoI geschnittenen Vektor pSUN5 ligiert.
- 30 MSP 116 beinhaltet Fragment EPSPS den EPSPS Promoter (1761 bp), Fragment *rbcS TP FRAGMENT* das rbcS Transitpeptid aus Erbse (194 bp), Fragment *NODK KETO CDS* (690 bp), kodierend für die *Nodularia spumignea NSOR10* NODK-Ketolase, Fragment *OCS Terminator* (192 bp) das Polyadenylierungssignal von Octopin-Synthase.

35

Beispiel 6A:

Herstellung von Expressionsvektoren zur blütenspezifischen Expression der NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* ATCC 29133 in *Lycopersicon esculentum* und *Tagetes erecta*.

40

Die Expression der NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* in *Tagetes erecta* erfolgte mit dem Transitpeptid rbcS aus Erbse (Anderson et al. 1986, Biochem J. 240:709-715). Die Expression erfolgte unter Kontrolle des blütenspezifischen Promoters PDS (Phytoendesaturase) aus *Lycopersicon esculentum* (Datenbankeintrag U46919).

5

Das DNA Fragment, das die PDS Promoterregion (SEQ ID No. 100) aus *Lycopersicon esculentum* beinhaltet, wurde mittels PCR unter Verwendung genomischer DNA (nach Standardmethoden aus *Lycopersicon esculentum* isoliert) sowie der Primer PDS-1 (SEQ ID No. 98) und PDS-2 (SEQ ID No. 99) hergestellt.

10

Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR zur Amplifikation der DNA, die das PDS-Promoterfragment beinhaltet, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

15

- 100 ng genomischer DNA aus *Lycopersicon esculentum*
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM PDS-1 (SEQ ID No. 98)
- 0.2 mM PDS-2 (SEQ ID No. 99)
- 5 µl 10X PCR-Puffer (Stratagene)
- 0.25 µl Pfu Polymerase (Stratagene)
- 28.8 µl Aq. Dest.

20

Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

25

1X 94°C 2 Minuten

35X 94°C 1 Minute

50°C 1 Minute

72°C 2 Minute

30

1X 72°C 10 Minuten

Das 2096 Bp Amplifikat wurde unter Verwendung von Standardmethoden in den PCR-Klonierungsvektor pCR 2.1 (Invitrogen) kloniert und das Plasmid pPDS erhalten.

35

Der Klon pPDS wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJOEPS:NP196 (in Beispiel 3 beschrieben) verwendet.

Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 2094 Bp *Ecl*136II-*Sma*I Fragmentes aus pPDS und Ligierung in den *Ecl*136II-*Hind*III geschnittenen Vektor pJOEPS:NP196. Die

40

*Hind*III-Schnittstelle des Vektors wurde zuvor durch Behandlung mit dem Klenow-

Enzym in eine „blunt-end“-Schnittstelle überführt. Der Klon, der den Promoter PDS anstelle des ursprünglichen Promoters EPSPS enthält, heisst pJOPDS:NP196. Diese Expressionskassette enthält das Fragment NP196 in der korrekten Orientierung als N-terminale Fusion mit dem rbcS-Transitpeptid.

5

Die Herstellung eines Expressionsvektors für die Agrobacterium-vermittelte Transformation der PDS-kontrollierten NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* in *L. esculentum* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN3 (WO02/00900).

- 10 Zur Herstellung des Expressionsvektors MSP117 wurde das 3.3 KB Ecl136II-XhoI Fragment aus pJOPDS:NP196 mit dem Ecl136II-XhoI geschnittenen Vektor pSUN3 ligiert. MSP 117 beinhaltet Fragment PDS den PDS Promoter, Fragment *rbcS TP FRAGMENT* das rbcS Transitpeptid aus Erbse (194 bp), Fragment *NP196 KETO CDS* (761 bp), kodierend für die *Nostoc punctiforme* NP196-Ketolase, Fragment *OCS Terminator* (192 bp) das Polyadenylierungssignal von Octopin-Synthase.
- 15

Die Herstellung einer Expressionsvektors für die Agrobacterium-vermittelte Transformation der PDS-kontrollierten NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* in *Tagetes erecta* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN5 (WO02/00900).

20

- 11 Zur Herstellung des Expressionsvektors MSP118 wurde das 3.3 KB bp Ecl136II-XhoI Fragment aus pJOPDS:NP196 mit dem Ecl136II-XhoI geschnittenen Vektor pSUN5 ligiert. MSP 118 beinhaltet Fragment PDS den PDS Promoter, Fragment *rbcS TP FRAGMENT* das rbcS Transitpeptid aus Erbse (194 bp), Fragment *NP196 KETO CDS* (761 bp), kodierend für die *Nostoc punctiforme* NP196-Ketolase, Fragment *OCS Terminator* (192 bp) das Polyadenylierungssignal von Octopin-Synthase.
- 25

Beispiel 6B:

- Herstellung von Expressionsvektoren zur blütenspezifischen Expression der NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* ATCC 29133 in *Lycopersicon esculentum* und *Tagetes erecta*.
- 30

Die Expression der NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* in *Tagetes erecta* erfolgte mit dem Transitpeptid rbcS aus Erbse (Anderson et al. 1986, Biochem J. 240:709-715).

- 35 Die Expression erfolgte unter Kontrolle des blütenspezifischen Promoters B-GENE (chromoplastenspezifische lycopene B-cyclase) aus *Lycopersicon esculentum* (Datenbankeintrag AAZ51517).

- 40 Das DNA Fragment, das die B-GENE Promoterregion (SEQ ID No. 103) aus *Lycopersicon esculentum* beinhaltet, wurde mittels PCR unter Verwendung genomischer DNA

(nach Standardmethoden aus *Lycopersicon esculentum* isoliert) sowie der Primer BGEN-1 (SEQ ID No. 101) und BGEN-2 (SEQ ID No. 102) hergestellt.

Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

5

Die PCR zur Amplifikation der DNA, die das B-GENE-Promoterfragment beinhaltet, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

☐

- 100 ng genomischer DNA aus *Lycopersicon esculentum*
- 10 - 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM BGEN-1 (SEQ ID No. 101)
- 0.2 mM BGEN-2 (SEQ ID No. 102)
- 5 µl 10X PCR-Puffer (Stratagene)
- 0.25 µl Pfu Polymerase (Stratagene)
- 15 - 28.8 µl Aq. Dest.

Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

- | | | |
|----|------|-----------------|
| 1X | 94°C | 2 Minuten |
| 20 | 35X | 94°C 1 Minute |
| | | 50°C 1 Minute |
| | | 72°C 2 Minute |
| | 1X | 72°C 10 Minuten |

- 25 Das 1222 Bp Amplifikat wurde unter Verwendung von Standardmethoden in den PCR-Klonierungsvektor pCR 2.1 (Invitrogen) kloniert und das Plasmid pB-GENE erhalten.

Der Klon pB-GENE wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJOEPS:NP196 (in Beispiel 3 beschrieben) verwendet.

30

Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 1222 Bp SacI-HindIII Fragmentes aus pB-GENE und Ligierung in den SacI-HindIII geschnittenen Vektor pJOEPS:NP196. Der Klon, der den Promoter B-GENE anstelle des ursprünglichen Promoters EPSPS enthält, heisst pJOBGEN:NP196. Diese Expressionskassette enthält das Fragment

35 NP196 in der korrekten Orientierung als N-terminale Fusion mit dem rbcS-Transitpeptid.

- Die Herstellung eines Expressionsvektors für die Agrobacterium-vermittelte Transformation der PDS-kontrollierten NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* in *L. esculentum* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN3 (WO02/00900).
- 40

Zur Herstellung des Expressionsvektors MSP119 wurde das 2.4 KB *SacI*-*XhoI* Fragment aus pJOBGEN:NP196 mit dem *SacI*-*XhoI* geschnittenen Vektor pSUN3 ligiert. MSP 119 beinhaltet Fragment B-GENE den B-GENE Promoter, Fragment *rbcS TP*
5 *FRAGMENT* das *rbcS* Transitpeptid aus Erbse (194 bp), Fragment NP196 *KETO CDS* (761 bp), kodierend für die *Nostoc punctiforme* NP196-Ketolase, Fragment *OCS Terminator* (192 bp) das Polyadenylierungssignal von Octopin-Synthase.

Die Herstellung einer Expressionsvektors für die Agrobacterium-vermittelte Transformation der PDS-kontrollierten NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* in *Tagetes erecta* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN5 (WO02/00900).

Zur Herstellung des Expressionsvektors MSP120 wurde das 2.4 KB bp *SacI*-*XhoI* Fragment aus pJOBGEN:NP196 mit dem *SacI*-*XhoI* geschnittenen Vektor pSUN5 li-
15 giert. MSP 120 beinhaltet Fragment B-GENE den B-GENE Promoter, Fragment *rbcS TP FRAGMENT* das *rbcS* Transitpeptid aus Erbse (194 bp), Fragment NP196 *KETO CDS* (761 bp), kodierend für die *Nostoc punctiforme* NP196-Ketolase, Fragment *OCS Terminator* (192 bp) das Polyadenylierungssignal von Octopin-Synthase.

20 Beispiel 6C:

Herstellung von Expressionsvektoren zur blütenspezifischen Expression der NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* ATCC 29133 in *Lycopersicon esculentum* und *Tagetes erecta*.

25 Die Expression der NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* in *Tagetes erecta* erfolgte mit dem Transitpeptid *rbcS* aus Erbse (Anderson et al. 1986, Biochem J. 240:709-715). Die Expression erfolgte unter Kontrolle des blütenspezifischen Promoters CHRC (chromoplast-specific carotenoid-associated protein) aus *Cucumis sativa* (Datenbank-eintrag AF099501).

30 Das DNA Fragment, das die CHRC Promoterregion (SEQ ID No. 106) aus *Lycopersicon esculentum* beinhaltet, wurde mittels PCR unter Verwendung genomischer DNA (nach Standardmethoden aus *Lycopersicon esculentum* isoliert) sowie der Primer CHRC-1 (SEQ ID No. 104) und CHRC-2 (SEQ ID No. 105) hergestellt.

35 Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR zur Amplifikation der DNA, die das CHRC-Promoterfragment beinhaltet, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

40

- 100 ng genomischer DNA aus *Lycopersicon esculentum*
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM CHRC-1 (SEQ ID No. 101)
- 0.2 mM CHRC-2 (SEQ ID No. 102)
- 5 - 5 µl 10X PCR-Puffer (Stratagene)
- 0.25 µl Pfu Polymerase (Stratagene)
- 28.8 µl Aq. Dest.

Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

10

1X 94°C 2 Minuten

35X 94°C 1 Minute

50°C 1 Minute

72°C 2 Minute

15 1X 72°C 10 Minuten

Das 1222 Bp Amplifikat wurde unter Verwendung von Standardmethoden in den PCR-Klonierungsvektor pCR 2.1 (Invitrogen) kloniert und das Plasmid pCHRC erhalten.

- 20 Der Klon pB-GENE wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJOEPS:NP196 (in Beispiel 2 beschrieben) verwendet.

Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 1540 Bp SacI-HindIII Fragmentes aus pCHRC und Ligierung in den SacI-HindIII geschnittenen Vektor pJOEPS:NP196. Der

- 25 Klon, der den Promoter CHRC anstelle des ursprünglichen Promoters EPSPS enthält, heisst pJOCHRC:NP196. Diese Expressionskassette enthält das Fragment NP196 in der korrekten Orientierung als N-terminale Fusion mit dem *rbcS*-Transitpeptid.

- 30 Die Herstellung eines Expressionsvektors für die *Agrobacterium*-vermittelte Transformation der PDS-kontrollierten NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* in *L. esculentum* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN3 (WO02/00900).

Zur Herstellung des Expressionsvektors MSP121 wurde das 2.6 KB SacI-XhoI Fragment aus pJOCHRC:NP196 mit dem SacI-XhoI geschnittenen Vektor pSUN3 ligiert.

- 35 MSP 121 beinhaltet Fragment CHRC den CHRC Promoter, Fragment *rbcS TP FRAGMENT* das *rbcS* Transitpeptid aus Erbse (194 bp), Fragment NP196 KETO CDS (761 bp), kodierend für die *Nostoc punctiforme* NP196-Ketolase, Fragment OCS Terminator (192 bp) das Polyadenylierungssignal von Octopin-Synthase.

Die Herstellung einer Expressionsvektors für die Agrobacterium-vermittelte Transformation der PDS-kontrollierten NP196-Ketolase aus *Nostoc punctiforme* in *Tagetes erecta* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN5 (WO02/00900).

- 5 Zur Herstellung des Expressionsvektors MSP122 wurde das 2.6 KB bp *SacI*-*XhoI* Fragment aus pJOCHRC:NP196 mit dem *SacI*-*XhoI* geschnittenen Vektor pSUN5 ligiert. MSP 122 beinhaltet Fragment CHRC den CHRC Promoter, Fragment *rbcS TP FRAGMENT* das *rbcS* Transitpeptid aus Erbse (194 bp), Fragment *NP196 KETO CDS* (761 bp), kodierend für die *Nostoc punctiforme* NP196-Ketolase, Fragment *OCS Terminator* (192 bp) das Polyadenylierungssignal von Octopin-Synthase.

Beispiel 7:

Herstellung transgener *Tagetes* Pflanzen

- 15 *Tagetessamen* werden sterilisiert und auf Keimungsmedium (MS-Medium; Murashige and Skoog, *Physiol. Plant.* 15(1962), 473-497) pH 5,8, 2% Saccharose) aufgelegt. Die Keimung erfolgt in einem Temperatur/Licht/Zeitintervall von 18-28°C/20-200 µE/3 - 16 Wochen, bevorzugt jedoch bei 21°C, 20-70 µE, für 4-8 Wochen.
- 20 Alle Blätter der sich bis dahin entwickelten *in vitro* Pflanzen werden geerntet und quer zur Mittelrippe geschnitten. Die dadurch entstehenden Blattexplantate mit einer Größe von 10 - 60 mm² werden im Verlaufe der Präparation in flüssigem MS - Medium bei Raumtemperatur für maximal 2 h aufbewahrt.
- 25 Ein beliebiger Agrobakterium *tumefaciens* Stamm, bevorzugt aber ein supervirulenter Stamm, wie z.B. EHA105 mit einem entsprechenden Binärplasmid, das ein Selektionsmarker (bevorzugt *bar* oder *pat*) sowie ein oder mehrere Trait- oder Reportergene tragen kann wird (pS5FNR:NOST, pS5AP3:NOST pS5FNR:NP196, pS5EPS:NP196, pS5FNR:NP195, pS5EPS:NP195, pS5FNR:NODK und
- 30 pS5EPS:NODK), über Nacht angezogen und für die Co-Kultivierung mit dem Blattmaterial verwendet. Die Anzucht des Bakterienstammes kann wie folgt erfolgen: Eine Einzelkolonie des entsprechenden Stammes wird in YEB (0,1 % Hefeextrakt, 0,5 % Rindfleischextrakt, 0,5 % Pepton, 0,5 % Saccharose, 0,5 % Magnesiumsulfat x 7 H₂O) mit 25 mg/l Kanamycin angeimpft und bei 28°C für 16 bis 20 h angezogen. Anschließend
- 35 wird die Bakteriensuspension durch Zentrifugation bei 6000 g für 10 min geerntet und derart in flüssigem MS Medium resuspendiert, daß eine OD₆₀₀ von ca. 0,1 bis 0,8 entstand. Diese Suspension wird fuer die C-Kultivierung mit dem Blattmaterial verwendet.
- 40 Unmittelbar vor der Co-Kultivierung wird das MS-Medium, in dem die Blätter aufbewahrt worden sind, durch die Bakteriensuspension ersetzt. Die Inkubation der Blätt-

- chen in der Agrobakteriensuspension erfolgte für 30 min unter leichtem Schütteln bei Raumtemperatur. Anschließend werden die infizierten Explantate auf ein mit Agar (z.B. 0,8 % Plant Agar (Duchefa, NL) verfestigtes MS-Medium mit Wachstumsregulatoren, wie beispielsweise 3 mg/l Benzylaminopurin (BAP) sowie 1 mg/l Indolylessigsäure (IAA) aufgelegt. Die Orientierung der Blätter auf dem Medium ist bedeutungslos. Die Kultivierung der Explantate findet für 1 bis 8 Tage, bevorzugt aber für 6 Tage statt, dabei können folgende Bedingungen angewendet werden: Lichtintensität: 30 – 80 $\mu\text{Mol/m}^2 \times \text{sec}$, Temperatur: 22 – 24°C, hell/dunkel Wechsel von 16/8 Stunden. Anschließend werden die co-kultivierten Explantate auf frisches MS-Medium, bevorzugt mit den gleichen Wachstumsregulatoren übertragen, wobei dieses zweite Medium zusätzlich ein Antibiotikum zur Unterdrückung des Bakterienwachstums enthält. Timentin in einer Konzentration von 200 bis 500 mg/l ist für diesen Zweck sehr geeignet. Als zweite selektive Komponente wird eine für die Selektion des Transformationserfolges eingesetzt. Phosphinothricin in einer Konzentration von 1 bis 5 mg/l selektiert sehr effizient, aber auch andere selektive Komponenten gemäß des zu verwendenden Verfahrens sind denkbar.

- Nach jeweils ein bis drei Wochen erfolgt der Transfer der Explantate auf frisches Medium bis sich Sproßknospen und kleine Sprosse entwickeln, die dann auf das gleiche Basalmedium einschließlich Timentin und PPT oder alternative Komponenten mit Wachstumsregulatoren, nämlich z.B. 0,5 mg/l Indolylbuttersäure (IBA) und 0,5 mg/l Gibberillinsäure GA_3 , zur Bewurzelung übertragen werden. Bewurzelte Sprosse können ins Gewächshaus überführt werden.

- Zusätzlich zu der beschriebenen Methode sind folgende vorteilhafte Modifikationen möglich:

- Bevor die Explantate mit den Bakterien infiziert werden, können sie für 1 bis 12 Tage, bevorzugt 3 - 4, auf das oben beschriebene Medium für die Co-Kultur vorinkubiert werden. Anschließend erfolgt die Infektion, Co-Kultur und selektive Regeneration wie oben beschrieben.

- Der pH Wert für die Regeneration (normalerweise 5,8) kann auf pH 5,2 gesenkt werden. Dadurch wird die Kontrolle des Agrobakterienwachstums verbessert.

- Die Zugabe von AgNO_3 (3 - 10 mg/l) zum Regenerationsmedium verbessert den Zustand der Kultur einschließlich der Regeneration selbst.

Komponenten, die die Phenolbildung reduzieren und dem Fachmann bekannt sind, wie z.B. Zitronensäure, Ascorbinsäure, PVP u.v.a.m., wirken sich positiv auf die Kultur aus.

5 Für das gesamte Verfahren kann auch flüssiges Kulturmedium Verwendung finden. Die Kultur kann auch auf handelsüblichen Trägern, die auf dem flüssigen Medium positioniert werden inkubiert werden.

Gemäß der oben beschriebenen Transformationsmethode wurden mit folgenden Expressionskonstrukten folgende Linien erhalten:

10 Mit pS5FNR:NOST wurde beispielsweise erhalten: MSP102-1, MSP102-2, MSP102-3,

Mit pS5AP3:NOST wurde beispielsweise erhalten: MSP104-1, MSP104-2, MSP104-3

15 Mit pS5FNR:NP196 wurde erhalten: MSP106-1, MSP106-2, MSP106-3

Mit pS5EPS:NP196 wurde erhalten: MSP108-1, MSP108-2, MSP108-3

20 Mit pS5FNR:NP195 wurde erhalten: MSP110-1, MSP110-2, MSP110-3

Mit pS5EPS:NP195 wurde erhalten: MSP112-1, MSP112-2, MSP112-3

Mit pS5FNR:NODK wurde erhalten: MSP114-1, MSP114-2, MSP114-3

25 Mit pS5EPS:NODK wurde erhalten: MSP116-1, MSP116-2, MSP116-3

Mit pS3PDS:NP196 wurde erhalten: MSP117-1, MSP117-2, MSP117-3

Mit pS5PDS:NP196 wurde erhalten: MSP118-1, MSP118-2, MSP118-3

30 Mit pS3CHRC:NP196 wurde erhalten: MSP119-1, MSP119-2, MSP119-3

Mit pS5CHRC:NP196 wurde erhalten: MSP120-1, MSP120-2, MSP120-3

Mit pS3BGEN:NP196 wurde erhalten: MSP121-1, MSP121-2, MSP121-3

35 Mit pS5BGEN:NP196 wurde erhalten: MSP122-1, MSP122-2, MSP122-3

Beispiel 8:

Enzymatische Lipase-katalysierte Hydrolyse von Carotinoidestern aus Pflanzenmaterial und Identifizierung der Carotinoide

40

Allgemeine Arbeitsvorschrift

- a) Gemörsertes Pflanzenmaterial (z.B. Petalenmaterial) (30-100 mg Frischgewicht) wird mit 100% Aceton (dreimal 500µl; jeweils etwa 15 Minuten schütteln) extrahiert.
- 5 Das Lösungsmittel wird evaporiert. Carotinoide werden anschließend in 495 µl Aceton aufgenommen, 4,95 ml Kaliumphosphatpuffer (100 mM, pH7.4) zugegeben und gut gemischt. Danach erfolgt die Zugabe von ca. 17 mg Bile-Salze (Sigma) und 149 µl einer NaCl/CaCl₂-Lösung (3M NaCl und 75 mM CaCl₂). Die Suspension wird für 30 Minuten bei 37°C inkubiert. Für die enzymatische Hydrolyse der Carotinoidester wird 595
- 10 µl einer Lipaselösung (50 mg/ml Lipase Typ7 von *Candida rugosa* (Sigma)) zugegeben und unter Schütteln bei 37°C inkubiert. Nach etwa 21 Stunden erfolgte nochmals eine Zugabe von 595 µl Lipase mit erneuter Inkubation von mindestens 5 Stunden bei 37°C. Anschließend werden etwa ca. 700 mg Na₂SO₄ in der Lösung gelöst. Nach Zugabe von 1800 µl Petrolether werden die Carotinoide durch kräftig Mischen in die organische
- 15 Phase extrahiert. Dieses Ausschütteln wird solange wiederholt, bis die organische Phase farblos bleibt. Die Petroletherfraktionen werden vereinigt und der Petrolether evaporiert. Freie Carotinoide werden in 100-120 µl Aceton aufgenommen. Mittels HPLC und C30-reverse phase-Säule können freie Carotinoide aufgrund von Retentionszeit und UV-VIS-Spektren identifiziert werden.

20

Die verwendeten Bile-Salze oder Gallensäuresalze sind 1:1 Mischungen von Cholat und Desoxycholat.

- b) Arbeitsvorschrift für Aufarbeitung, wenn nur geringe Mengen an Carotinoidestern im
- 25 Pflanzenmaterial vorhanden sind

- Alternativ kann die Hydrolyse der Carotinoidester durch Lipase aus *Candida rugosa* nach Trennung mittels Dünnschichtchromatographie erreicht werden. Dazu werden 50-100mg Pflanzenmaterial dreimal mit etwa 750µl Aceton extrahiert. Der Lösungsmittel-
- 30 telextrakt wird im Vakuum einrotiert (erhöhte Temperaturen von 40-50°C sind tolerabel). Danach erfolgt Zugabe von 300µl Petrolether:Aceton (Verhältnis 5:1) und gute Durchmischung. Schwebstoffe werden durch Zentrifugation (1-2 Minuten) sedimentiert. Die obere Phase wird in ein neues Reaktionsgefäß überführt. Das verbleibende Rest wird erneut mit 200µl Petrolether:Aceton (Verhältnis 5:1) extrahiert und Schwebstoffe
- 35 werden durch Zentrifugation entfernt. Die beiden Extrakte werden zusammengeführt (Volumen 500µl) und die Lösungsmittel evaporiert. Der Rückstand wird in 30µl Petrolether:Aceton (Verhältnis 5:1) resuspendiert und auf eine Dünnschichtplatte (Silica-Gel 60, Merck) aufgetragen. Falls mehr als eine Auftragung für präparativ-analytische Zwecke erforderlich ist, sollten mehrere Aliquots mit jeweils 50-100 mg Frischgewicht in der

beschriebenen Weise für die dünnschichtchromatographische Trennung aufbereitet werden.

- Die Dünnschichtplatte wird in Petrolether:Aceton (Verhältnis 5:1) entwickelt. Carotinoidbanden können visuell aufgrund ihrer Farbe identifiziert werden. Einzelne Carotinoidbanden werden ausgekratzt und können für präparativ-analytische Zwecke gepoolt werden. Mit Aceton werden die Carotinoide vom Silica-Material eluiert; das Lösungsmittel wird im Vakuum evaporiert. Zur Hydrolyse der Carotinoidester wird der Rückstand in 495µl Aceton gelöst, 17mg Bile-Salze (Sigma), 4,95ml 0.1M Kaliumphosphatpuffer (pH 7,4) und 149µl (3M NaCl, 75mM CaCl₂) zugegeben. Nach guter Durchmischung wird 30min bei 37°C äquilibriert. Danach erfolgt die Zugabe von 595µl Lipase von *Candida rugosa* (Sigma, Stammlösung von 50mg/ml in 5mM CaCl₂). Über Nacht erfolgt die Inkubation mit Lipase unter Schütteln bei 37°C. Nach etwa 21 Stunden wird nochmals die gleiche Menge an Lipase zugegeben; für mindestens 5 Stunden wird nochmals bei 37°C unter Schütteln inkubiert. Dann erfolgt die Zugabe von 700mg Na₂SO₄ (wasserfrei); mit 1800µl Petrolether wird für ca. 1 Minute ausgeschüttelt und die Mischung bei 3500 Umdrehungen/Minute für 5 Minuten zentrifugiert. Die obere Phase wird in ein neues Reaktionsgefäß überführt und das Ausschütteln so lange wiederholt, bis die obere Phase farblos ist. Die vereinigte Petrolether-Phase wird im Vakuum eingeeengt (Temperaturen von 40-50°C sind möglich). Der Rückstand wird in 120µl Aceton, eventuell mittels Ultraschall, gelöst. Die gelösten Carotinoide können mittels HPLC unter Verwendung einer C30-Säule getrennt und anhand von Referenzsubstanzen quantifiziert werden.

25 Beispiel 9: HPLC-Analyse freier Carotinoide

Die Analyse der nach der Arbeitsvorschriften in Beispiel 15 erhaltenen Proben erfolgt unter folgenden Bedingungen:

30 Folgende HPLC-Bedingungen wurden eingestellt.

Trennsäule: Prontosil C30-Säule, 250 x 4,6 mm, (Bischoff, Leonberg, Germany)

Flussrate: 1.0 ml/min

Eluenten: Laufmittel A - 100% Methanol

35 Laufmittel B - 80% Methanol, 0.2% Ammoniumacetat

Laufmittel C - 100% t-Butyl-methylether

Detektion: 300-530 nm

Gradientenprofil:

Zeit	Flussrate	% Laufmittel A	% Laufmittel B	% Laufmittel C
------	-----------	----------------	----------------	----------------

1.00	1.0	95.0	5.0	0
12.00	1.0	95.0	5.0	0
12.10	1.0	80.0	5.0	15.0
22.00	1.0	76.0	5.0	19.0
22.10	1.0	66.5	5.0	28.5
38.00	1.0	15.0	5.0	80.0
45.00	1.0	95.0	5.0	0
46.0	1.0	95.0	5.0	0

Einige typische Retentionszeiten für erfindungsgemäß gebildete Carotinoide sind z.B.:
Violaxanthin 11, 7 min, Astaxanthin 17,7 min, Adonixanthin 19 min, Adonirubin 19,9
min, Zeaxanthin 21 min.

Patentansprüche

1. Verwendung eines Promotors, ausgewählt aus der Gruppe
 - 5 A) EPSPS Promotor
 - B) B-Gene Promotor
 - C) PDS Promotor und
 - D) CHRC Promotor
- 10 zur Expression von Genen in Pflanzen der Gattung Tagetes, mit der Maßgabe, dass Gene aus Pflanzen der Gattung Tagetes, die in Wildtyppflanzen der Gattung Tagetes von dem jeweiligen Promotor exprimiert werden, ausgenommen sind.
2. Verwendung nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, dass die Expression spe-
15 zifisch in Blüten erfolgt.
3. Verwendung nach Anspruch 2, dadurch gekennzeichnet, dass die Expression spe-
zifisch in Petalen erfolgt.
- 20 4. Verwendung nach einem der Ansprüche 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, dass der EPSPS Promotor gemäß Anspruch 1
 - A1) die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 1, 2 oder 3 oder
 - 25 A2) eine von diesen Sequenzen durch Substitution, Insertion oder Deletion von Nukleotiden abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 60 % auf Nukleinsäureebene mit der jeweiligen Sequenz SEQ. ID. NO. 1, 2 oder 3 aufweist oder
 - A3) eine Nukleinsäuresequenz, die mit der Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 1, 2 oder 3 unter stringenten Bedingungen hybridisiert oder
 - 30 A4) funktionell äquivalente Fragmente der Sequenzen unter A1), A2) oder A3) enthält.
5. Verwendung nach einem der Ansprüche 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, dass
35 der B-Gene Promotor gemäß Anspruch 1
 - B1) die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 4, 5 oder 6 oder

- B2) eine von diesen Sequenzen durch Substitution, Insertion oder Deletion von Nukleotiden abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 60 % auf Nukleinsäureebene mit der jeweiligen Sequenz SEQ. ID. NO. 4, 5 oder 6 aufweist oder
- 5 B3) eine Nukleinsäuresequenz, die mit der Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 4, 5 oder 6 unter stringenten Bedingungen hybridisiert oder
- B4) funktionell äquivalente Fragmente der Sequenzen unter B1), B2) oder B3)

enthält.

10

6. Verwendung nach einem der Ansprüche 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, dass der PDS Promotor gemäß Anspruch 1

- C1) die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 7, 8, 9 oder 10 oder
- 15 C2) eine von diesen Sequenzen durch Substitution, Insertion oder Deletion von Nukleotiden abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 60 % auf Nukleinsäureebene mit der jeweiligen Sequenz SEQ. ID. NO. 7, 8, 9 oder 10 aufweist oder
- C3) eine Nukleinsäuresequenz, die mit der Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO.
- 20 7, 8, 9 oder 10 unter stringenten Bedingungen hybridisiert oder
- C4) funktionell äquivalente Fragmente der Sequenzen unter C1), C2) oder C3)
- enthält.

- 25 7. Verwendung nach einem der Ansprüche 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, dass der CHRC Promotor gemäß Anspruch 1

- D1) die Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 11, 12, 13 oder 14 oder
- D2) eine von diesen Sequenzen durch Substitution, Insertion oder Deletion von
- 30 Nukleotiden abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 60 % auf Nukleinsäureebene mit der jeweiligen Sequenz SEQ. ID. NO. 11, 12, 13 oder 14 aufweist oder
- D3) eine Nukleinsäuresequenz, die mit der Nukleinsäuresequenz SEQ. ID. NO. 11, 12, 13 oder 14 unter stringenten Bedingungen hybridisiert oder
- 35 D4) funktionell äquivalente Fragmente der Sequenzen unter D1), D2) oder D3)
- enthält.

8. Genetisch veränderte Pflanze der Gattung *Tagetes*, wobei die genetische Veränderung zu einer Erhöhung oder Verursachung der Expressionsrate mindestens eines Gens im Vergleich zum Wildtyp führt und bedingt ist durch die Regulation der Expression dieses Gens in der Pflanze durch Promotoren gemäß einem der Ansprüche 1 bis 7.
9. Genetisch veränderte Pflanze nach Anspruch 8, dadurch gekennzeichnet, dass die Regulation der Expression von Genen in der Pflanze durch Promotoren gemäß einem der Ansprüche 1 bis 7 dadurch erreicht wird, dass man
- a) eine oder mehrere Promotoren gemäß einem der Ansprüche 1 bis 7 in das Genom der Pflanze einbringt, so dass die Expression eines oder mehrerer endogenen Gene unter der Kontrolle der eingebrachten Promotoren gemäß einem der Ansprüche 1 bis 7 erfolgt oder
 - b) ein oder mehrere Gene in das Genom der Pflanze einbringt, so dass die Expression eines oder mehrerer der eingebrachten Gene unter der Kontrolle der endogenen Promotoren gemäß einem der Ansprüche 1 bis 7 erfolgt oder
 - c) ein oder mehrere Nukleinsäurekonstrukte, enthaltend mindestens einen Promotor gemäß einem der Ansprüche 1 bis 7 und funktionell verknüpft eine oder mehrere, zu exprimierende Gene, in die Pflanze einbringt.
10. Genetisch veränderte Pflanze der Gattung *Tagetes*, enthaltend einen Promotor gemäß einem der Ansprüche 1 bis 7 und funktionell verknüpft ein zu exprimierendes Gen, mit der Maßgabe, dass Gene aus Pflanzen der Gattung *Tagetes*, die in Wildtyppflanzen der Gattung *Tagetes* von dem jeweiligen Promotor exprimiert werden, ausgenommen sind.
11. Genetisch veränderte Pflanze nach einem der Ansprüche 8 bis 10, dadurch gekennzeichnet, dass die zu exprimierenden Gene ausgewählt sind aus der Gruppe Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus den Biosyntheseweg von proteinogenen und nicht-proteinogenen Aminosäuren, Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von Nukleotiden und Nukleosiden, Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von organischen Säuren, Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von Lipiden und Fettsäuren, Nuk-

leinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von Diolen, Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von Kohlenhydraten, Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von aromatischen Verbindung, Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von Vitaminen, Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von Carotinoiden, Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von Co-faktoren und Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von Enzymen, wobei die Gene gegebenenfalls weitere Regulationselemente enthalten können.

10

12. Genetisch veränderte Pflanze nach Anspruch 11, dadurch gekennzeichnet, dass man als zu exprimierende Gene Nukleinsäuren kodierend ein Protein aus dem Biosyntheseweg von Carotinoiden verwendet.

15

13. Genetisch veränderte Pflanze nach Anspruch 12, dadurch gekennzeichnet, dass die zu exprimierenden Gene ausgewählt sind aus der Gruppe Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, Nukleinsäuren kodierend eine β -Hydroxylase, Nukleinsäuren kodierend eine β -Cyclase, Nukleinsäuren kodierend eine ϵ -Cyclase, Nukleinsäuren kodierend eine Epoxidase, Nukleinsäuren kodierend eine HMG-CoA-Reduktase, Nukleinsäuren kodierend eine (E)-4-Hydroxy-3-Methylbut-2-enyl-Diphosphat-Reduktase, Nukleinsäuren kodierend eine 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Reduktoisomerase, Nukleinsäuren kodierend eine Isopentenyl-Diphosphat- Δ -Isomerase, Nukleinsäuren kodierend eine Geranyl-Diphosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Farnesyl-Diphosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Geranyl-Geranyl-Diphosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Phytoen-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Phytoen-Desaturase, Nukleinsäuren kodierend eine Prephytoen-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Zeta-Carotin-Desaturase, Nukleinsäuren kodierend ein crtISO Protein, Nukleinsäuren kodierend ein FtsZ Protein und Nukleinsäuren kodierend ein MinD Protein.

20

25

30

14. Verfahren zur Herstellung von biosynthetischen Produkten durch Kultivierung von genetisch veränderten Pflanzen der Gattung Tagetes gemäß einem der Ansprüche 8 bis 13.

35

15. Verfahren zur Herstellung von Carotinoiden durch Kultivierung von genetisch veränderten Pflanzen gemäß einem der Ansprüche 8 bis 13, dadurch gekennzeichnet, dass die zu exprimierenden Gene ausgewählt sind aus der Gruppe Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase, Nukleinsäuren kodierend eine β -Hydroxylase, Nukleinsäuren kodierend eine β -Cyclase, Nukleinsäuren kodierend eine ϵ -Cyclase, Nukleinsäuren kodierend eine Epoxidase, Nukleinsäuren kodierend eine HMG-CoA-Reduktase, Nukleinsäuren kodierend eine (E)-4-Hydroxy-3-Methylbut-2-enyl-Diphosphat-Reduktase, Nukleinsäuren kodierend eine 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine 1-Deoxy-D-Xylose-5-Phosphat-Reduktoisomerase, Nukleinsäuren kodierend eine Isopentenyl-Diphosphat- Δ -Isomerase, Nukleinsäuren kodierend eine Geranyl-Diphosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Farnesyl-Diphosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Geranyl-Geranyl-Diphosphat-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Phytoen-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Phytoen-Desaturase, Nukleinsäuren kodierend eine Prephytoen-Synthase, Nukleinsäuren kodierend eine Zeta-Carotin-Desaturase, Nukleinsäuren kodierend ein crtISO Protein, Nukleinsäuren kodierend ein FtsZ Protein und Nukleinsäuren kodierend ein MinD Protein.
16. Verfahren nach Anspruch 15, dadurch gekennzeichnet, dass man nach dem Kultivieren die genetisch veränderten Pflanzen erntet und anschließend die Carotinoide aus den genetisch veränderten Pflanzen isoliert.
17. Verfahren nach Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, dass man die Blüten der genetisch veränderten Pflanzen erntet und anschließend die Carotinoide aus den Petalen der genetisch veränderten Pflanzen isoliert.
18. Verfahren nach einem der Ansprüche 15 bis 17, dadurch gekennzeichnet, dass die Carotinoide ausgewählt sind aus der Gruppe Phytoen, Lycopin, Lutein, Zeaxanthin, Astaxanthin, Canthaxanthin, Echinenon, 3-Hydroxyechinenon, 3'-Hydroxyechinenon, Adonirubin, Violaxanthin und Adonixanthin.

<110> SunGene GmbH & Co. KGaA

<120> Promotoren zur Expression von Genen in Tagetes

<130> PF 55341

<160> 106

<170> PatentIn version 3.1

<210> 1

<211> 174

<212> DNA

<213> Petunia hybrida

<220>

<221> promoter

<222> (1)..(174)

<223> EPSPS Promotor

<400> 1

gagaacacag ctggaatddd ttacaaaggt agttggtgaa gctagtcagc gaatcccatt 60

accttccact ctacctaacc cccttcacca acaacaaatt tctgtaattt aaaaactagc 120

caaaaaagaa ctctcttttta caaagagcca aagactcaat ctttactttc aaga 174

<210> 2

<211> 1781

<212> DNA

<213> Petunia hybrida

<220>

<221> promoter

<222> (1)..(1781)

<223> EPSPS Promotor

<400> 2

tagcgcaatc ttatgtggta caaatcttga ttagtcgggc taagtttcag gaaaaaatg	60
atgtggccct acaaatggtt ggaggatggg agatttggct ctatctagag ttatgtggtt	120
gttgaagcat ttggttactc tctgctgtgg tagttggcat atccacattg tctccttcca	180
cttttatgac aattacgtga aagttatggg ttgttttgtc tatttttgtc gaggcctttc	240
ttttccttcc aggttggtga agatgggtcca attcgattag aataatgttt tgagcttttag	300
catattctct ctcgtttaca cgattatagt aataatgata taggatgaca gaagttgaca	360
cataaatttt ttattctctc catttacttt aatccaaatc tcacctacc taaacttctt	420
taatatgtat tcaatagtct atccgagtaa attgtaaatt taacaaccat tgataatatt	480
gacacctact aacatatact agtaaagaga atattaacat ggcacatata atttgatgca	540
aatgagtat gatgaaattt aaaccctaaa tctcttgatt ttgacagtgt caccttgact	600
tggttaactaa taagtcatgt ttagtggca gaaagacaaa ctcattccacc aactgtatag	660
caataaaaaa tagaagaatc ttcctgaggg aaagttttgg aaaaattaag agtggctgag	720
atttaatttc aacaggaatt agttccactt aacttttagg ttacgatata gtgctaatta	780
aataacttaa ttgtattaga tatttcttgc acctaaaaa tttaaaaact gaaaaaagg	840
agcaatcaaa ataaacaaaa ggacaaaata agtgaaagg acagccacca acctggcgg	900
ctcactgttt gttgggttaa acgtagactt acacctacca aaatctacaa ctaaaatgag	960
gcaataatac tttgcccata attaccaaga aaagaaaaag aaaggaatcc cttaatatta	1020
ctctcctcca tttcacaata aatatcctag ttgacttaa attagagttt aaaaaatgaa	1080
agacgacttt taaaacttgt aatctaaaat aatcatagt taaatgtgtg gctataaatc	1140
attgtattaa cggtaaagtg gtaagtttaa aagttaattg ttttcaaata taaaattgta	1200
ctatcattct ttttggaatg gactaataag aaaactatga catccattat ggagcggagg	1260

gagtatctcc ttttaacaat aacctttgtc ccttcaattc aattatcagt atgcaaacat 1320
taaaaattat tattgatgtt aagtaccaca tcatccttaa tgatagaatc atcgtagaac 1380
gcttttccag gcacacattc aaactagtta gaccaaaaaa tatgtaccac acatcgaata 1440
gtccagactt ctttgtttga atagtcgact acattggata atggaacttc tcgaattaac 1500
ttogaattag tcgagcccca aataatatat acgtcgggtg gaaaactata aaatgtttga 1560
caaaaatgtc aaattaatat atcaatctgc aacaaccttt tcaccttgag aacacagctg 1620
gaatttttta caaaggtagt tggatgaagct agtcagcgaa tcccattacc ttccactcta 1680
cctaaccccc ttcaccaaca acaaatttct gtaatttaaa aactagccaa aaaagaactc 1740
tctttttaca agagccaaag actcaatctt tactttcaag a 1781

<210> 3

<211> 1760

<212> DNA

<213> Petunia hybrida

<220>

<221> promoter

<222> (1) .. (1760)

<223> EPSPS Promotor

<400> 3

tagcgcaatc ttatgtggta caaatcttga ttagtcggga aaaaatgatg tggccctaca 60
aatggttgga ggatgggaga tttggctcta tctagagtta tgtggttgtt gaagcatttg 120
gttactctct gctgtggtag ttggcatatc cacattgtct ccttccactt ttatgacaat 180
tacgtgaaag ttatgggttg ttttgtctat ttttgtcgag gcctttcttt tccttccagg 240
ttgttgaaga tgggtccaatt cgattagaat aatgttttga gcttttagcat attctctctc 300
gtttacacga ttatagtaat aatgatatag gatgacagaa gttgacacat aaatttttta 360
ttctctccat ttactttaat ccaaattctca cctaccctaa acttctttaa tatgtattca 420
atagtctatc cgagttaaatt gtaaatttaa caaccattga taatattgac acctactaac 480

atatactagt aaagagaata ttaacatggc acatataatt tgatgcaaaa tgagtatgat 540
gaaattttaa cccaaaatct cttgattttg acagtgtcac cttgacttgt taactaataa 600
gtcatgtttt agtggcagaa agacaaactc atccaccaac tgtatagcaa taaaaaatag 660
aagaatcttc ctgaggcaaa gttttggaaa aattaagagt ggctgagatt taatttcaac 720
aggaattagt tccacttaac ttttaggtta cgatacagtg ctaattaaat aacttaattg 780
tattagatat ttcttgcacc taaaaaattt aaaaactgaa aaaaggtagc aatcaaaata 840
aacaaaagga caaaataagt gaaaggtaca gccaccaacc ctggcggctc actgtttggt 900
ggttaaaacg tagacttaca cctaccaaaa tctacaacta aaatgaggca ataatacttt 960
gccccaaatt accaagaaaa gaaaaagaaa ggaatccctt aatattactc tcctccattt 1020
cacaataaat atcctagttt gacttaaatt agagtttaaa aaatgaaaga cgacttttaa 1080
aacttgtaat ctaaaataaa tcatagttaa atgtgtggct ataaatcatt gtattaacgg 1140
taaagtggta agttttaaag ttaattgttt tcaaatataa aattgtacta tcattctttt 1200
tggaatggac taataagaaa actatgacat ccattatgga gcgaggaggag tatctccttt 1260
taacaataac ctttgtccct tcaattcaat tatcagtatg caaacattaa aaattattat 1320
tgatgttaag taccacatca tccttaatga tagaatcatc gtagaacgct tttccaggca 1380
cacattcaaa ctagttagac cagtaccaca catcgaatat tccagacttc tttgtttgaa 1440
tagtcgacta cattggataa tggaacttct cgaattaact tcgaattagt cgagcccaaa 1500
ataatatata cgtcgggtgg aaaactataa aatgtttgac aaaaatgtca aattaatata 1560
tcaatctgca acaacctttt caccttgaga acacagctga aattttttac aaaggtagtt 1620
ggatgaagcta gtcagcgaat ccattacct tccactctac ctaacccctc tcaccaacaa 1680
caaatttctg taatttaaaa actagccaaa aaagaactct cttttacaaa gagccaaaga 1740
ctcaatcttt actttcaaga 1760

<210> 4

<211> 1210

<212> DNA

<213> *Lycopersicon esculentum*

<220>

<221> promoter

<222> (1) .. (1210)

<223> B-Gene Promotor

<400> 4

```
gaattctctg aaaaggagca ccatatttgc cgcactgtgg ttcataattc caagtacatt      60
tagatgaact atatcatcag attgaaagggt tattgtataa tcaatccagt ggattctcgt      120
tctggcacct ttagaagtac atgtgcggaa aagaatgata aggtttgtat tgttggtgac      180
aaagcctggt gccttttctca tttgtaaatg ttctgaacga ctcttaaatt actcttaagg      240
tgtaagggtct tccgtgcctg tttgtaaata taatgctgtg cctgtgactta ctttttgtac      300
catttggttca aatgtatggc ctgaacacca gggttgtcaa aaatgtctca tgcccgtttt      360
attggtctga aaatggcgtg atgccaaatt ctgcgcgtcc acagtgagca tttcgatcta      420
ctggaaattg accaacttat tttatcactt gataactaaa caaaatccta ttaactttaa      480
tcatacattg tatttatacc gaaaaattta tgcataactc attaaattac cttttttagc      540
agtcaaattc taaatcagtt tctaatttat caaaatgggt tttatagggt cccatttcca      600
ctaataacc tgccgtccat gcactgacta caaaacaaat acctcactat gtttgtagt      660
gcttggaat ataaaacctt ttcttttatg agaaagttca cggagaataa ttttctattt      720
gtggcataat agtatatagt gcagattgac aagaatttaa ttttgcagtt gggcacatga      780
acaattttcc tcaaagttgt agaaagtact tttcattttc ttgtcaccga aaattattta      840
taattgaaat taaaaccgaa tgagctgcaa gattcaagtc gaattttcaa aagaattgac      900
caagaaaaaa ttcaaaaata tccccacccc cctaccaaac acatcctaaa gtgagggtata      960
gactgggact gggattggga aaagggtaaa atgctttcac tagcttagca aagattccac      1020
tttgtagtct atctttcttt ctcatctcct tttttctttt tctttttttt gttatataag      1080
ccaaagtagg taccctaaaag catcaatatt ttgtattgct tggtgattcc tctgtagtcc      1140
agtatttcat tttctacaag ttccacctcc ctccataatt aaccattatc aatcttatac      1200
attctctata                                     1210
```

<210> 5

<211> 1599

<212> DNA

<213> *Lycopersicon esculentum*

<220>

<221> promoter

<222> (1) .. (1599)

<223> B-Gene Promotor

<400> 5

atctcattgt atagcttgtc ttttgtttca gtcgtcttag gcttgggtta gttggtgttg	60
ctgtttcata cttctatcaa ccttgtgtga gttcctttat aaaatatgac tgttggagga	120
agtaatttac ctttagttcg actacatcaa gatttgcac attctcgtcc aagaaatctt	180
agtttgaagc cttttggtct ggtatatattg tcaatctgag cttcgcaact ttctcatgac	240
aggggtttgt tgacatgcct gattgtgtc ttcctttact tgataattgc tgcttgttgc	300
ggaggcatca ctctaccttc ctgcagatca tgaattctct gaaaaggagc accatatttg	360
ccgcactgtg gttcatattt ccaattacat ttagatgaac tatatcatca ggagtgaag	420
gttattgtat aatcaatcca gtggattctc gttctggcac ctttagaagt acatgtgcgg	480
aaaagaatga taaggtttgt attgttgttg acaaggcctg ttgcctttct catttgtaaa	540
tgttctgaac gactcctaaa ttactcttaa agtgtaagggt cttccgtgcc tgtttgata	600
tataatgctg tgccgtgact taccttttgt accatttgtt caaatgtatg gcctggacac	660
tagggttgtc aaaaatgtct catgacttca cccttcttcc ttgtcttggt gcccgtttta	720
ttggtctgag aacggcgtga tgccaaatcc tgccgctcca cagtgagcat ttgatctac	780
tggaaattga ccaacttatt ttatcacttg ataactagag tctgggttca aacaaaatcc	840
aataacttca atcatacatt gtatttatat tgaaaaaatt atgcacaact cagtaaatta	900
cctttttttg cagtcaaaaa ttctagatca gtttctaatt aatcaaatg gcctttatag	960
gggtccagtt ccattaatat acctgccgtc catgcactga ttacaagaca aatacctcac	1020
tatgtttgtt agtgcttggt aatataaaac cttttctttt atgagaaagt tcaccgaaaa	1080
taattttcta tttgtggcat aactagtatc gaagtatata gtgcagattg acaagaattt	1140

aaatggtgcag ttgggcacat gaacaatttt cctcaaagtt gtagaaaata tttttcattt 1200
tcttgtcacc gaaaattatt tataattgaa attgaaaccg aatgagctgc aagactcgag 1260
tcgaatttca aaaaaattga ccaactaaat atgaaaaaat ccgaatatat cccccacccc 1320
ctaccaaaca catcctaaag tgaggtatag actgggactg ggattgggaa aagggtaaaa 1380
tgctttcact agcttagcaa agattccact ttgttagcta tctttctttc tcatttcctt 1440
ttttcttttt cttttttttg ttatataagc caaagtaggt acccaaaagc atcaatattt 1500
tgtattgctt ggtgattcct ctttactcca gtatttcatt ttctacaagt tccacctccc 1560
tocataatta accattatca atcttatata ttttctata 1599

<210> 6

<211> 1204

<212> DNA

<213> *Lycopersicon esculentum*

<220>

<221> promoter

<222> (1) .. (1204)

<223> B-Gene Promotor

<400> 6

tctgaaaagg agcaccatat ttgccgcact gtggttcata tttccaagta catttagatg 60
aactatatca tcagattgaa aggttattgt ataatcaatc cagtggattc tcgttctggc 120
accttttagaa gtacatgtgc ggaaaagaat gataaggttt gtattgttgt tgacaaagcc 180
tgttgccttt ctcatttgta aatgttctga acgactccta aattactctt aagggtgaag 240
gtcttccgtg cctgtttgta aatataatgc tgtgccgtga cttacctttt gtaacatttg 300
ttcaaagtga tggcctggac accagggttg tcaaaaatgt ctcattgccc ttttattggt 360
ctgagaatgg cgtgatgcca aattctgccg ctccacagtg agcatttcga tctactggaa 420
attgaccaac ttattttatc acttgataac taaacaaaat cctattaact ttaatcatac 480
attgtattta taccgaaaaa gttatgcata actcagtaaa ttacctttt tagcagtcaa 540

```

attctagatc agttttctaatt ttatcaaaat ggctttttata ggggtcccagt tccactaata      600
tacctgccgt ccatgcactg actacaagac aaatacctca ctatgtttgt tagtgcttgg      660
taatataaaa cctttttcttt tatgagaaag ttcaccgaga ataattttct atttgtggca      720
taactagtat atagtgcaga ttgacaagaa tttaattttg cagttgggca catgaacaat      780
tttctcctcaa gttgtagaaa gtactttttca ttttcttgct accgaaaatt atttataatt      840
gaaattaaaa ccgaatgagc tgcaagattc aagtcgaatt tcaaaagaat tgaccaagaa      900
aaaattcaaa aatatccccc accccctacc aaacacatcc taaagtgagg tatagactgg      960
gactgggatt gggaaaaggg taaaatgctt tcactagctt agcaaagatt ccactttggt      1020
agctatcttt ctttctcatt tccttttttc ttttctttt ttttggtata taagccaaag      1080
taggtacca aaagcatcaa tattttgtat tgcttggtga ttctctgta gtccagtatt      1140
tcattttcta caagttccac ctccctccat aattaacat tatcaatctt atacattctc      1200
tata                                                                    1204

```

<210> 7

<211> 2078

<212> DNA

<213> *Lycopersicon esculentum*

<220>

<221> promoter

<222> (1)..(2078)

<223> PDS Promotor

<400> 7

```

tttgccagta ttacaacagc ttatatgttg agcaggtaaa agcttcaatg ccctattctt      60
tctacagtta tcaatgttgc tcgtctaata tctggtgttc ttctcgaaat gtcaattggc      120
ttgcagcaca ttgtcctcta atatccattc aagcttctta gatgatgaaa catttgtcaa      180
atttattaat ttcatagtgt tcagtctcaa ttcttttagct ggttcctcat agtaaagttg      240
tctaatatga aatgaaaatg ttctgtgtgt tgtactaata ccttttcatg gttgtctata      300

```

gaacgtcgat gaagagccaa acagaaacta ttttgggctg cgattttctga taccattgta 360
tctgaatgct ggggtgggagc tcatcagaag ctttacaatg ggtcacatat atggagccgg 420
tatgaggaat gctgggaatc agttgcgttt cgcgtgctag gacttttcct tccgtgtatt 480
tctgcccaca gcccgattga ttacgtgaac tccgtcagac ttggaaagga gagaagtacc 540
caaatgtcgt ctttttagaa atacttttgt cacaaaatag cgggggttac agctacagaa 600
gatcatgcag aaggcgtcca gtttagtttt tgaaggttgt ttggagtta tttatctaaa 660
gtaaacttaa atcagctttt tgtttatgag ttcagtgaac tatatgttca aataagactt 720
ccctttgtag atatgtgttt tttttgttgt tgagcacttt gtgtgcattg gataaacccc 780
caacgtgtaa tagctaccat acaagagaag taactcgcac tgtccatgtc ttatgtggct 840
cgactcagaa agcattcagg gggattgata accaccctcc aaaccaactg aaccattgtg 900
aataaccacc cttcaaatca accgagtcct cgtgaaggac aaatatgtgg ttttatatac 960
attaaatttt gtttttacct gcttcctctt acttcttttag ttttcttgac catatcttgc 1020
gtttttccct tctgtaattg acacttttct tcaaaccatc cagcaatgtg gaagcttgac 1080
gattttcctt cagagtagaa attgaaaaga atcaactaaa aaggatagtc cttcgatttg 1140
atttcgggt taaaaataaa ctaataagaa tgagagagcg aataatagaa tattttgaaa 1200
ttttaagat attcaactat gttaaattgc gttataaatt tcttaaatta gtagcaccta 1260
atagtttagt tctcaaaagt caaaactact acataatgtg ctcatttttc acattaaaat 1320
gcctacatga tgtaaaagta aaactcgtag cattctacgt gttttactca actcaaact 1380
cctgttcatt ttaataaacg tacgatgagc ttctctctcc aattttcttt tctttttttt 1440
ttttaaaaa atattttttt ttatatcaat ccaaatgggc tccaatttat cataaattag 1500
gtagaaactt agatattaaa gaaagaaaag ggtttatctc gcaagtgtgg ctatgggtggg 1560
acgtgtcaaa ttttggattg tagccaaaca tgagatttga tttaaagga attggccaaa 1620
tcaccgaaag caggcatctt catcataaat tagtttgttt atttatacag aattatacgc 1680
ttttactagt tatagcattc ggtatctttt tctgggtaac tgccaaacca ccacaaattt 1740
caagtttcca ttttaactctt caacttcaac ccaaccaaatt ttatttgctt aattgtgcag 1800
aaccactccc tatatcttct aggtgctttc attcgttccg aggttaagaaa agatttttgt 1860
ttctttgaat gctttatgcc actcgtttta cttctgaggt ttgtggatct ttaggcgac 1920
tttttttttt tttgtatgta aaatttgttt cataaatgct tctcaacata aatcttgaca 1980

aagagaagga attttaccaa gtatttaggt tcagaaatgg ataattttct tactgtgaaa 2040
tataccttatg gcagggttta ctgttatattt tcagtaaa 2078

<210> 8

<211> 1342

<212> DNA

<213> *Lycopersicon esculentum*

<220>

<221> promoter

<222> (1)..(1342)

<223> PDS Promotor

<400> 8

gttttttttg ttgttgagca ctttgtgtgc attggataaa cccccaacgt gtaatagcta 60
ccatacaaga gaagtaactc gcactgtcca tgtcttatgt ggctcgactc agaaagcatt 120
caggggggatt gataaccacc ctccaaacca actgaaccat tgtgaataac cacccttcaa 180
atcaaccgag tcctcgtgaa ggacaaatat gtggttttat atacattaaa ttttgttttt 240
acatgcttcc tcttacttct ttagttttct tgaccatata ttgcgttttt cccttctgta 300
attgacactt ttcttcaaac catccagcaa tgtggaagct tgacgatttt ccttcagagt 360
agaaattgaa aagaatcaac taaaaaggat agtccttcga tttgatttcc ggcttaaaaa 420
taaactaata agaatgagag agcgaataat agaataatttt gaaattttaa agatattcaa 480
ctatgtttaa ttgcgttata aatttcttaa attagtagca cctaatagtt tagttctcaa 540
aagtcaaaac tactacataa tgtgctcatt tttcacatta aaatgcctac atgatgtaaa 600
agtaaaactc gtagcattct acgtgtttta ctcaactcaa acatcctgtt cattttaata 660
aacgtacgat gagcttctct ctccaatttt cttttctttt ttttttttaa aaaaatattt 720
ttttttatat caatccaaat gggctccaat ttatcataaa ttaggtagaa acttagatat 780
taaagaaaga aaagggttta tctcgcaagt gtggctatgg tgggacgtgt caaattttgg 840
attgtagcca aacatgagat ttgatttaaa gggaattggc caaatcaccg aaagcaggca 900

```

tcttcatcat aaattagttt gtttatttat acagaattat acgctttttac tagttatagc 960
attcgggtatc tttttctggg taactgccaa accaccacaa atttcaagtt tccatttaac 1020
tcttcaactt caacccaacc aaatttattt gcttaattgt gcagaaccac tccctatata 1080
ttctaggtgc ttctattcgt tccgaggtaa gaaaagattt ttgtttcttt gaatgcttta 1140
tgccactcgt ttaacttctg aggtttgtgg atcttttagg cgactttttt tttttttgta 1200
tgtaaaattt gtttcataaa tgcttctcaa cataaatctt gacaaagaga aggaatttta 1260
ccaagtattt aggttcagaa atggataatt ttcttactgt gaaatatacct tatggcaggt 1320
tttactgtta tttttcagta aa 1342

```

<210> 9

<211> 1008

<212> DNA

<213> *Lycopersicon esculentum*

<220>

<221> promoter

<222> (1) .. (1008)

<223> PDS Promotor

<400> 9

```

aagcttgacg attttccttc agagtagaaa ttgaaaagaa tcaactaaaa aggatagtcc 60
ttcgatttga tttccggctt aaaaataaac taataagaat gagagagcga ataatagaat 120
attttgaaat tttaaagata ttcaactatg ttaaattgcy ttataaattt cttaaattag 180
tagcacctaa tagtttagtt ctcaaaagtc aaaactacta cataatcgtg ctcatTTTTc 240
acattaaaaat gcctacatga tgtaaaagta aaactcgtag cattctacgt gttttactca 300
actcaaacat cctgttcatt ttaataaacg tacgatgagc ttctctctcc aattttcttt 360
tctttttttt ttttaaaaaa atattttttt ttatatcaat ccaaattggc tccaatttat 420
cataaattag gtagaaactt agatattaaa gaaagaaaag ggtttatctc gcaagtgtgg 480
ctatggtggg acgtgtcaaa ttttggttg tagccaaaca tgagatttga tttaaagga 540

```

```

attggccaaa tcaccgaaag caggcatctt catcataaat tagtttggtt atttatacag      600
aattatacgc ttttactagt tatagcattc ggtatctttt tctgggtaac tgccaaacca      660
ccacaaatth caagttttcca ttttaactctt caacttcaac ccaaccaaht ttatttgctt      720
aattgtgcag aaccactccc tatatcttct aggtgctttc attcgttccg aggttaagaaa      780
agatttttgt ttctttgaat gctttatgcc actcgtttta cttctgaggt ttgtggatct      840
tttaggcgac tttttttttt ttgttatgta aaatttggtt cataaatgct tctcaacata      900
aatcttgaca aagagaagga attttaccaa gtatttaggt tcagaaatgg ataattttct      960
tactgtgaaa tatecttatg gcaggtttta ctgttattht tcagtaaa                    1008

```

<210> 10

<211> 2078

<212> DNA

<213> *Lycopersicon esculentum*

<220>

<221> promoter

<222> (1)..(2078)

<223>

```

<400> 10
tttgccagta ttacaacagc ttatatgttg agcaggtaaa agcttcaatg ccttattctt      60
tctacagtta tcaatgttgc tcgtctaata tctgggtgtc ttctcgaaat gtcaattggc      120
ttgcagcaca ttgtcctcta atatccattc aagcttctta gatgatgaaa catttgtaa      180
atthattaat ttcatagtgt tcagtctcaa ttctthtagct gtttcctcat agtaaagttg      240
tctaatatga aatgaaaatg ttctgtgtgt tgtactaata ccttttcatg gttgtctata      300
gaacgtcgat gaagagccaa acagaaacta ttttgggctg cgatttctga taccattgta      360
tctgaatgct ggggtgggagc tcatcagaag ctttacaatg ggtcacatat atggagccga      420
gtatgaggaa tgctgggaat cagttgtgct tcgcgtgcta ggacttttcc ttctggtat      480
ttctgcccac agcccagttg attacgtgaa ctccgtcaga cttggaaagg agagaagtac      540

```


ccaaatgtcg tctttttaga aatacttttg tcacaaaata gcgggggttta cagctacaga	600
agatcatgca gaaggcgccc agtttagttt ttgaagggttg tttggagttt atttatctaa	660
agtaaaactta aatcagcttt ttgtttatga gttcagtgaa ctatatgttc aaataagact	720
tccctttgta gaatatgtgt ttttttttgt tgttgagcac tttgtgtgca ttggataaac	780
ccccaacgtg taatagctac catacaagag aagtaactcg cactgtccat gtcttatgtg	840
gctcgactca gaaagcattc aggggggattg ataaccaccc tccaaaccaa ctgaaccatt	900
gtgaataacc acccttcaaa tcaaccgagt cctcgtgaag gacaaatatg tggttttata	960
tacattaaat tttgttttta catgcttctt cttacttctt tagttttctt gaccatatct	1020
tctttttccc ttctgtaatt gacattttct tcaaaccatc cagcaatgtg gaagcttyac	1080
gattttcctt cagagtagaa attgaaaaga atcaactaaa aaggatagtc cttcgatttg	1140
atttccggct taaaaataaa ctaataagaa tgagagagcg aataatagaa tattttgaaa	1200
ttttaagat attcaactat gttaaattgc gttataaatt tcttaaatta gtagcaccta	1260
atagtttagt tctcaaaagt caaaactact acataatgtg ctcatttttc acattaaaat	1320
gcctacatga tgtaaaaagta aaactcgtag cattctacgt gttttactca actcaaacat	1380
cctgttcatt ttaataaacg tacgatgagc ttctctctcc aattttcttt tctttttttt	1440
ttttaaaaaa atattttttt ttatatcaat ccaaattggc tccaatttat cataaattag	1500
gtagaaactt agatattaaa gaaagaaaag ggtttatctc gcaagtgtgg ctatgggtggg	1560
acgtgtcaaa ttttggattg tagccaaaca tgagatttga tttaaagga attggccaaa	1620
tcaccgaaag caggcatctt catcataaat tagtttgttt atttatacag aattatacgc	1680
ttttactagt tatagcattc ggtatctttt tctgggtaac tgccaaacca ccacaaattt	1740
caagtttcca ttttaactctt caacttcaac ccaaccaaatt ttatttgctt aattgtgcag	1800
aaccactccc tatatcttct aggtgctttc attcgttccg aggtaagaaa agatttttgt	1860
ttctttgaat gctttatgcc actcgtttta cttctgaggt ttgtggatct tttaggcgac	1920
tttttttttt tttgtatgta aaatttgttt cataaatgct tctcaacata aatcttgaca	1980
aagagaagga attttaccaa gtatttaggt tcagaaatgg ataattttct tactgtgaaa	2040
tatccttatg gcagggttta ctgttatttt tcagtaaa	2078

<211> 1528

<212> DNA

<213> Cucumis sativus

<220>

<221> promoter

<222> (1)..(1528)

<223> CHRC Promotor

<400> 11

```
tacaaattag ggttacttta ttcattttca tccattctct ttattgttaa attttgtaca      60
tttattcaat aatattatat gtttattaca aattctcact ttcttattca tacctattca      120
ctcaagcctt taccatcttc cttttctatt tcaatactat ttctacttca tttttcacgt      180
ttttaacatc tttctttatt tcttgccac ttcgtttagg gatgcctaatt gtcccaaatt      240
tcatctctcg tagtaacaca aaaccaatgt aatgctactt ctctctacat ttttaataca      300
aataaagtga aacaaaatat ctataaataa acaaatatat atattttgtt agacgctgtc      360
tcaaccatc aattaaaaaa ttttggtata tttctacttt acctactaaa tttgtttctc      420
atattttacct ttttaacccc acaaaaaaaaa attataaaaa agaaagaaaa aagctaaacc      480
ctattttaaat agctaactat aagatcttaa aattatcctc atcagtgtat agtttaattg      540
gttattaact tataacatta tatatctatg acatatactc tctcctagct atttctcaca      600
ttttttaact taagaaaata gtcataacat agtctaaaat tcaaacaacc acatgctcta      660
atttgattaa caaaaagtta gaaatattta tttaaataaa aaagactaat aaatatataa      720
aatgaatgtt catacgcaga cccatttaga gatgagtatg ctttcacatg ctgagattat      780
tttcaaaact aagggtgtag caatattaaa tcaataaaat tattataaat aacaaaatta      840
acctgctcgt gtttgctgta tatgggaggc tacaaaataa attaaactaa agatgattat      900
gttttagaca ttttttctat ctgtattagt ttatacatat taattcagga gctgcacaac      960
ccaattctat tttcgttcct tgggtgctgg gtttctcaca aggttcaata gtcaatatta     1020
ggttttattg gacttttaat agtatcaaac aaatctatgt gtgaacttaa aaattgtatt     1080
aaatatttag ggtaacctgt tgccgttttt agaataatgt ttcttcttaa tacacgaaag     1140
```

cgtattgtgt attcattcat ttggcgccctc acatgcttcg gttggctcgc tttagtctct 1200
 gccttctttg tatattgtac tccccctctt cctatgccac gtgttctgag cttacaaga 1260
 cacgttgctg gccattgcca aacaagtcac ttttaactca caaggccga tttgacctcc 1320
 aaaacaacga caagtttccg aacagtcgag aagatcaagg gtataatcgt ctttttgaat 1380
 tctatttctc tttatttaat agtccctctc gtgtgatagt ttttaaaga tttttaaac 1440
 gtatgtgctg ttttaagtaa tcccagtcct tcagtttgtg ctttttgtg tttgtttct 1500
 ctgatttaag gaatttgaa ataattct 1528

<210> 12

<211> 1538

<212> DNA

<213> Cucumis sativus

<220>

<221> promoter

<222> (1) .. (1538)

<223> CHRC Promotor

<400> 12

tacaaattag gggtacttta ttcattttca tccattctct ttattgttaa atttgtaca 60
 tttattcaat aatattatat gttattaca aattctcact ttcttattca tacctattca 120
 ctcaagcctt taccatcttc cttttctatt tcaatactat ttctacttca ttttcacgt 180
 ttttaacatc tttctttatt tcttgccac ttcgtttagg gatgcctaatt gtcccaaatt 240
 tcctctctcg tagtaacaca aaaccaatgt aatgctactt ctctctacat ttttaataca 300
 aataaagtga acaaaaatat ctataaataa acaaatatat atattttgtt agacgctgtc 360
 tcaaccatc aattaaaaaa tttgtttata tttctacttt acctactaaa tttgtttctc 420
 atatttacct ttttaacccc acaaaaaaaa attataaaaa agaaagaaaa aagctaaacc 480
 ctatttaaat agctaactat aagatcttaa aattatcctc atcagtgtat agtttaattg 540
 gttattaact tataacatta tatatctatg acatatactc tctcctagct atttctcaca 600

ttttttaact taagaaaata gtcataacat agtctaaaat tcaaacaatcc acatgctcta 660
atttgattaa caaaaagtta gaaatattta tttaaataaa aaagactaat aaatatataa 720
aatgaatggt catacgcaga cccatttaga gatgagtatg ctttcacatg ctgagattat 780
tttcaaaact aagggtgtag caatattaaa tcaataaaaat tattataaat aacaaaatta 840
acctgctcgt gtttgctgta tatgggaggc tacaaaataa attaaactaa agatgattat 900
gttttagaca ttttttctat ctgtattagt ttatacatat taattcagga gctgcacaac 960
ccaattctat tttcgttctt tgggtgctgg gtttctcaca aggttcaata gtcaatatta 1020
ggttttattg gacttttaat agtatcaaac aaatctatgt gtgaacttaa aaattgtatt 1080
aaatatattg ggtaacctgt tgccgttttt agaataatgt ttcttcttaa tacacgaaag 1140
cgtattgtgt attcattcat ttggcgctc acatgcttcg gttggctcgc tttagtctct 1200
gccttctttg tattttgtac tccccctctt cctatgccac gtgttctgag cttacaagc 1260
cacgttgctg gccattgcca aacaagtcac ttttaacttca caaggtccga tttgacctcc 1320
aaaacaacga caagtttccg aacagtcgcg aagatcaagg gtataatcgt ctttttgaat 1380
tctatttctc tttatttaat agtccctctc gtgtgatagt tttttaaga tttttaaaac 1440
gtagctgctg ttttaagtaaa tcccagtcct tcagtttgtg cttttgtgtg ttttgtttct 1500
ctgatttacg gaatttggaa ataattcttc taaagggc 1538

<210> 13

<211> 1525

<212> DNA

<213> Cucumis sativus

<220>

<221> promoter

<222> (1) .. (1525)

<223> CHRC Promotor

<400> 13

tacaaattag gggtacttta ttcattttca tccattctct ttattgttaa attttgtaca 60

tttattcaat aatattatat gtttattaca aattctcact ttcttattca tacctattca 120
ctcaagcctt taccatcttc cttttctatt tcaatactat ttctacttca tttttcacgt 180
ttttaacatc tttctttatt tcttgccac ttcgttagg gatgcctaag gtcccaaatt 240
tcctctctcg tagtaacaca aaaccaatgt aatgctacct ctctctacat ttttaataca 300
aataaagtga aacaaaatat ctataataa acaaatatat atattttgtt agacgctgtc 360
tcaacccatc aattaaaaaa ttttggtata tttctacttt acctactaaa tttgtttctc 420
atatttacct ttttaacccc acaaaaaaaaa attataaaaa agaaagaaaa aagctaaacc 480
ctatttaaat agctagctat aagatcttaa aattatcttc atcagtgtat agtttaattg 540
gttattaact tataacatta tatatctatg acatatactc tctcctagct atttctcaca 600
ttttttaact taagaaaata gtcataacat agtctaaaat tcaaacaatcc acatgctcta 660
atttgattaa caaaaagata gaaatattta tttaaataaa aaagactaat aaatatataa 720
aatgaatgtt catacgcaga cccatttaga gatgagtatg ctttcacatg ttgagattat 780
tttcaaaact aagggtgtag caatattaaa tcaataaaat tattataaat aacaaaatta 840
acctgctcgt gtttgctgaa tatgggaggc tacaaaaata attaaactaa agatgattat 900
gttttagaca ttttttctat ctgtattagt ttatacatat taattcagga gctgcacaac 960
ccaattctat tttcgttcct tgggtggctgg gtttctcaca aggttcaata gtcaatatta 1020
ggttttattg gacttttaat agtatcaaat aaatctatgt gtgaacttaa aaattgtatt 1080
aaatatttag ggtaacctgt tgccgttttt agaataatgt ttcttcttaa tacacgaaag 1140
cgtattgtgt attcattcat ttggcgcttc acatgcttcg gttggctcgc tttagtctct 1200
gccttctttg tattttgtac tccccctctt cctatgccac gtgttctgag cttacaagc 1260
cacgttgcgt gccattgcc aacaagtcac ttttaacttca caaggctcga tttgacctcc 1320
aaaacaacga caagtttccg aacagtcgag aagatcaagg gtataatcgt ctttttgaat 1380
tctatttctc tttatttaat agtccctctc gtgtgatagt tttttaaaga tttttaaaac 1440
gtagctgctg ttttaagtaa tcccagtcct tcagtttggtg cttttgtgtg ttttgtttct 1500
ctgatttacg gaatttgaa ataata 1525

<210> 14

<211> 1519

<212> DNA

<213> Cucumis sativus

<220>

<221> promoter

<222> (1)..(1519)

<223> CHRC Promotor

<400> 14

ttacttttatt cattttcatt cattctcttt attgttaaatt tttgtacatt tattcaataa	60
tatttatatgt ttattacaaa ttctcacttt cttattcata cctattcact caagccttta	120
ccatcttcct tttctatttc aatactattt ctacttcatt tttcacgttt ttaacatctt	180
tctttatttc ttgtccactt cgtttaggga tgccaatgt cccaaatttc atctctcgta	240
gtaacacaaa accaatgtaa tgctacctct ctctacattt ttaatacaaa taaagtga	300
caaaatatct ataaataaac aaatatatat attttggttag acgctgtctc aaccatcaa	360
ttaaaaaatt ttgttatatt tctactttac ctactaaatt tgtttctcat atttaccttt	420
taacccccac aaaaaaaaaat tataaaaaag aaagaaaaaa gctaaaccct atttaaatag	480
ctagctataa gatcttaaaa ttatcctcat cagtgtatag ttttaattggt tattaactta	540
taacattata tatctatgac atatactctc tcctagctat ttctcacatt ttttaactta	600
agaaaatagt cataacatag tctaaaattc aaacatccac atgctctaatt ttgattaaca	660
aaaagataga aatattttatt taaataaaaa agactaataa atatataaaa tgaatgttca	720
tacgcagacc catttagaga tgagtatgct ttcacatggt gagattattt tcaaaactaa	780
ggttgtagca atattaaatc aataaaatta ttataaataa caaaattaac ctgctcgtgt	840
ttgctgaata tgggaggcta caaaataaat taaactaaag atgattatgt tttagacatt	900
ttttctatct gtattagttt atacatatta attcaggagc tgcacaaccc aattctattt	960
tcgttccttg gtggctgtgt ttctcacaag gttcaatagt caatattagg ttttattgga	1020
cttttaatag tatcaaataa atctatgtgt gaacttaaaa attgtattaa atatttaggg	1080
taacctgttg cggtttttag aataatgttt cttcttaata cacgaaagcg tattgtgtat	1140
tcattcattt gggcctcac atgcttcggt tggctcgctt tagtctctgc cttctttgta	1200

```

ttttgtactc cccctcttcc tatgccacgt gttctgagct taacaagcca cgttgcgtgc 1260
cattgccaaa caagtcattt taacttcaca aggtccgatt tgacctcaa aacaacgaca 1320
agtttccgaa cagtcgcgaa gatcaaggt gtaatcgtct ttttgaattc tatttctctt 1380
tatttaatag tccctctcgt gtgatagttt tttaaagatt tttaaaacgt agctgctggt 1440
taagtaaata ccagtccttc agtttgtgct tttgtgtggt ttgtttctct gatttacgga 1500
atttggaat aataagctt 1519

```

<210> 15

<211> 1771

<212> DNA

<213> Haematococcus pluvialis

<220>

<221> CDS

<222> (166)..(1155)

<223>

<400> 15

```

ggcacgagct tgcacgcaag tcagcgcgcg caagtcaaca cctgccgggc cacagcctca 60
aataataaag agctcaagcg tttgtgcgcc tcgacgtggc cagtctgcac tgccttgaac 120
ccgcgagtct cccgccgcac tgactgccat agcacagcta gacga atg cag cta gca 177
Met Gln Leu Ala
1

```

```

gag aca gta atg ttg gag cag ctt acc gga agc gct gag gca ctc aag 225
Ala Thr Val Met Leu Glu Gln Leu Thr Gly Ser Ala Glu Ala Leu Lys
5 10 15 20

```

```

gag aag gag aag gag gtt gca ggc agc tct gac gtg ttg cgt aca tgg 273
Glu Lys Glu Lys Glu Val Ala Gly Ser Ser Asp Val Leu Arg Thr Trp
25 30 35

```

```

gag acc cag tac tcg ctt ccg tca gaa gag tca gac gcg gcc cgc ccg 321
Ala Thr Gln Tyr Ser Leu Pro Ser Glu Glu Ser Asp Ala Ala Arg Pro
40 45 50

```

```

gga ctg aag aat gcc tac aag cca cca cct tcc gac aca aag ggc atc 369

```

Gly	Leu	Lys	Asn	Ala	Tyr	Lys	Pro	Pro	Pro	Ser	Asp	Thr	Lys	Gly	Ile		
		55					60					65					
aca	atg	gcg	cta	cgt	gtc	atc	ggc	tcc	tgg	gcc	gca	gtg	ttc	ctc	cac	417	
Thr	Met	Ala	Leu	Arg	Val	Ile	Gly	Ser	Trp	Ala	Ala	Val	Phe	Leu	His		
	70					75				80							
gcc	att	ttt	caa	atc	aag	ctt	ccg	acc	tcc	ttg	gac	cag	ctg	cac	tgg	465	
Ala	Ile	Phe	Gln	Ile	Lys	Leu	Pro	Thr	Ser	Leu	Asp	Gln	Leu	His	Trp		
85					90					95					100		
ctg	ccc	gtg	tca	gat	gcc	aca	gct	cag	ctg	gtt	agc	ggc	acg	agc	agc	513	
Leu	Pro	Val	Ser	Asp	Ala	Thr	Ala	Gln	Leu	Val	Ser	Gly	Thr	Ser	Ser		
				105					110					115			
ctg	ctc	gac	atc	gtc	gta	gta	ttc	ttt	gtc	ctg	gag	ttc	ctg	tac	aca	561	
Leu	Leu	Asp	Ile	Val	Val	Val	Phe	Phe	Val	Leu	Glu	Phe	Leu	Tyr	Thr		
			120						125					130			
ggc	ctt	ttt	atc	acc	acg	cat	gat	gct	atg	cat	ggc	acc	atc	gcc	atg	609	
Gly	Leu	Phe	Ile	Thr	Thr	His	Asp	Ala	Met	His	Gly	Thr	Ile	Ala	Met		
	135						140					145					
aga	aac	agg	cag	ctt	aat	gac	ttc	ttg	ggc	aga	gta	tgc	atc	tcc	ttg	657	
Arg	Asn	Arg	Gln	Leu	Asn	Asp	Phe	Leu	Gly	Arg	Val	Cys	Ile	Ser	Leu		
	150					155					160						
tac	gcc	tgg	ttt	gat	tac	aac	atg	ctg	cac	cgc	aag	cat	tgg	gag	cac	705	
Tyr	Ala	Trp	Phe	Asp	Tyr	Asn	Met	Leu	His	Arg	Lys	His	Trp	Glu	His		
165					170					175					180		
cac	aac	cac	act	ggc	gag	gtg	ggc	aag	gac	cct	gac	ttc	cac	agg	gga	753	
His	Asn	His	Thr	Gly	Glu	Val	Gly	Lys	Asp	Pro	Asp	Phe	His	Arg	Gly		
				185					190					195			
aac	cct	ggc	att	gtg	ccc	tgg	ttt	gcc	agc	ttc	atg	tcc	agc	tac	atg	801	
Asn	Pro	Gly	Ile	Val	Pro	Trp	Phe	Ala	Ser	Phe	Met	Ser	Ser	Tyr	Met		
			200					205					210				
tcg	atg	tgg	cag	ttt	gcg	cgc	ctc	gca	tgg	tgg	acg	gtg	gtc	atg	cag	849	
Ser	Met	Trp	Gln	Phe	Ala	Arg	Leu	Ala	Trp	Trp	Thr	Val	Val	Met	Gln		
		215					220					225					
ctg	ctg	ggt	gcg	cca	atg	gcg	aac	ctg	ctg	gtg	ttc	atg	gcg	gcc	gcg	897	
Leu	Leu	Gly	Ala	Pro	Met	Ala	Asn	Leu	Leu	Val	Phe	Met	Ala	Ala	Ala		
		230					235					240					
ccc	atc	ctg	tcc	gcc	ttc	cgc	ttg	ttc	tac	ttt	ggc	acg	tac	atg	ccc	945	
Pro	Ile	Leu	Ser	Ala	Phe	Arg	Leu	Phe	Tyr	Phe	Gly	Thr	Tyr	Met	Pro		
245					250					255					260		
cac	aag	cct	gag	cct	ggc	gcc	gcg	tca	ggc	tct	tca	cca	gcc	gtc	atg	993	
His	Lys	Pro	Glu	Pro	Gly	Ala	Ala	Ser	Gly	Ser	Ser	Pro	Ala	Val	Met		
				265					270					275			
aac	tgg	tgg	aag	tcg	cgc	act	agc	cag	gcg	tcc	gac	ctg	gtc	agc	ttt	1041	

Asn	Trp	Trp	Lys	Ser	Arg	Thr	Ser	Gln	Ala	Ser	Asp	Leu	Val	Ser	Phe		
			280					285					290				
ctg	acc	tgc	tac	cac	ttc	gac	ctg	cac	tgg	gag	cac	cac	cgc	tgg	ccc	1089	
Leu	Thr	Cys	Tyr	His	Phe	Asp	Leu	His	Trp	Glu	His	His	Arg	Trp	Pro		
		295					300					305					
ttc	gcc	ccc	tgg	tgg	gag	ctg	ccc	aac	tgc	cgc	cgc	ctg	tct	ggc	cga	1137	
Phe	Ala	Pro	Trp	Trp	Glu	Leu	Pro	Asn	Cys	Arg	Arg	Leu	Ser	Gly	Arg		
		310				315					320						
ggt	ctg	gtt	cct	gcc	tag	ctggacacac	tg	cagtgggc	cctgctgcca							1185	
Gly	Leu	Val	Pro	Ala													
		325															
gctgggcatg	cagggtgtgg	caggactggg	tgaggtgaaa	agctgcaggc	gctgctgccg											1245	
gacacgctgc	atgggctacc	ctgtgtagct	gcgcccacta	ggggaggggg	tttgtagctg											1305	
tcgagcttgc	cccatggatg	aagctgtgta	gtggtgcagg	gagtacaccc	acaggccaac											1365	
acccttgcag	gagatgtctt	gcgtcgggag	gagtgttggg	cagtgtagat	gctatgattg											1425	
tatcttaatg	ctgaagcctt	taggggagcg	acacttagtg	ctgggcaggc	aacgccttgc											1485	
aaggtgcagg	cacaagctag	gctggacgag	gactcgggtg	caggcagggtg	aagaggtgcg											1545	
ggaggggtgg	gccacacca	ctgggcaaga	ccatgctgca	atgctggcgg	tgtggcagtg											1605	
agagctgcgt	gattaactgg	gctatggatt	gtttgagcag	tctcacttat	tctttgatat											1665	
agatactggt	caggcaggtc	aggagagtga	gtatgaacaa	gttgagaggt	ggtgcgctgc											1725	
ccctgcgctt	atgaagctgt	aacaataaag	tggttcaaaa	aaaaaa												1771	

<210> 16

<211> 329

<212> PRT

<213> Haematococcus pluvialis

<400> 16

Met	Gln	Leu	Ala	Ala	Thr	Val	Met	Leu	Glu	Gln	Leu	Thr	Gly	Ser	Ala
1				5					10					15	

Glu	Ala	Leu	Lys	Glu	Lys	Glu	Lys	Glu	Val	Ala	Gly	Ser	Ser	Asp	Val
		20					25						30		

Leu Arg Thr Trp Ala Thr Gln Tyr Ser Leu Pro Ser Glu Glu Ser Asp
 35 40 45

Ala Ala Arg Pro Gly Leu Lys Asn Ala Tyr Lys Pro Pro Pro Ser Asp
 50 55 60

Thr Lys Gly Ile Thr Met Ala Leu Arg Val Ile Gly Ser Trp Ala Ala
 65 70 75 80

Val Phe Leu His Ala Ile Phe Gln Ile Lys Leu Pro Thr Ser Leu Asp
 85 90 95

Gln Leu His Trp Leu Pro Val Ser Asp Ala Thr Ala Gln Leu Val Ser
 100 105 110

Gly Thr Ser Ser Leu Leu Asp Ile Val Val Val Phe Phe Val Leu Glu
 115 120 125

Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Thr His Asp Ala Met His Gly
 130 135 140

Thr Ile Ala Met Arg Asn Arg Gln Leu Asn Asp Phe Leu Gly Arg Val
 145 150 155 160

Cys Ile Ser Leu Tyr Ala Trp Phe Asp Tyr Asn Met Leu His Arg Lys
 165 170 175

His Trp Glu His His Asn His Thr Gly Glu Val Gly Lys Asp Pro Asp
 180 185 190

Phe His Arg Gly Asn Pro Gly Ile Val Pro Trp Phe Ala Ser Phe Met
 195 200 205

Ser Ser Tyr Met Ser Met Trp Gln Phe Ala Arg Leu Ala Trp Trp Thr
 210 215 220

Val Val Met Gln Leu Leu Gly Ala Pro Met Ala Asn Leu Leu Val Phe
 225 230 235 240

Met Ala Ala Ala Pro Ile Leu Ser Ala Phe Arg Leu Phe Tyr Phe Gly
 245 250 255

Thr Tyr Met Pro His Lys Pro Glu Pro Gly Ala Ala Ser Gly Ser Ser
 260 265 270

Pro Ala Val Met Asn Trp Trp Lys Ser Arg Thr Ser Gln Ala Ser Asp
 275 280 285

Leu Val Ser Phe Leu Thr Cys Tyr His Phe Asp Leu His Trp Glu His
 290 295 300

His Arg Trp Pro Phe Ala Pro Trp Trp Glu Leu Pro Asn Cys Arg Arg
 305 310 315 320

Leu Ser Gly Arg Gly Leu Val Pro Ala
 325

<210> 17

<211> 1662

<212> DNA

<213> Haematococcus pluvialis

<220>

<221> CDS

<222> (168)..(1130)

<223>

<400> 17

cggggcaact caagaaattc aacagctgca agcgcgcccc agcctcacag cgccaagtga 60

gctatcgacg tggttgtgag cgctcgacgt ggtccactga cgggcctgtg agcctctgcg 120

ctccgtcctc tgccaaatct cgcgtcgggg cctgcctaag tcgaaga atg cac gtc 176
 Met His Val
 1

gca tcg gca cta atg gtc gag cag aaa ggc agt gag gca gct gct tcc 224
 Ala Ser Ala Leu Met Val Glu Gln Lys Gly Ser Glu Ala Ala Ala Ser
 5 10 15

agc cca gac gtc ttg aga gcg tgg gcg aca cag tat cac atg cca tcc 272
 Ser Pro Asp Val Leu Arg Ala Trp Ala Thr Gln Tyr His Met Pro Ser
 20 25 30 35

gag tcg tca gac gca gct cgt cct gcg cta aag cac gcc tac aaa cct	320
Glu Ser Ser Asp Ala Ala Arg Pro Ala Leu Lys His Ala Tyr Lys Pro	
40 45 50	
cca gca tct gac gcc aag ggc atc acg atg gcg ctg acc atc att ggc	368
Pro Ala Ser Asp Ala Lys Gly Ile Thr Met Ala Leu Thr Ile Ile Gly	
55 60 65	
acc tgg acc gca gtg ttt tta cac gca ata ttt caa atc agg cta ccg	416
Thr Trp Thr Ala Val Phe Leu His Ala Ile Phe Gln Ile Arg Leu Pro	
70 75 80	
aca tcc atg gac cag ctt cac tgg ttg cct gtg tcc gaa gcc aca gcc	464
Thr Ser Met Asp Gln Leu His Trp Leu Pro Val Ser Glu Ala Thr Ala	
85 90 95	
cag ctt ttg ggc gga agc agc agc cta ctg cac atc gct gca gtc ttc	512
Gln Leu Leu Gly Gly Ser Ser Ser Leu Leu His Ile Ala Ala Val Phe	
100 105 110 115	
att gta ctt gag ttc ctg tac act ggt cta ttc atc acc aca cat gac	560
Ile Val Leu Glu Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Thr His Asp	
120 125 130	
gca atg cat ggc acc ata gct ttg agg cac agg cag ctc aat gat ctc	608
Ala Met His Gly Thr Ile Ala Leu Arg His Arg Gln Leu Asn Asp Leu	
135 140 145	
ctt ggc aac atc tgc ata tca ctg tac gcc tgg ttt gac tac agc atg	656
Leu Gly Asn Ile Cys Ile Ser Leu Tyr Ala Trp Phe Asp Tyr Ser Met	
150 155 160	
ctg cat cgc aag cac tgg gag cac cac aac cat act ggc gaa gtg ggg	704
Leu His Arg Lys His Trp Glu His His Asn His Thr Gly Glu Val Gly	
165 170 175	
aaa gac cct gac ttc cac aag gga aat ccc ggc ctt gtc ccc tgg ttc	752
Lys Asp Pro Asp Phe His Lys Gly Asn Pro Gly Leu Val Pro Trp Phe	
180 185 190 195	
gcc agc ttc atg tcc agc tac atg tcc ctg tgg cag ttt gcc cgg ctg	800
Ala Ser Phe Met Ser Ser Tyr Met Ser Leu Trp Gln Phe Ala Arg Leu	
200 205 210	
gca tgg tgg gca gtg gtg atg caa atg ctg ggg gcg ccc atg gca aat	848
Ala Trp Trp Ala Val Val Met Gln Met Leu Gly Ala Pro Met Ala Asn	
215 220 225	
ctc cta gtc ttc atg gct gca gcc cca atc ttg tca gca ttc cgc ctc	896
Leu Leu Val Phe Met Ala Ala Ala Pro Ile Leu Ser Ala Phe Arg Leu	
230 235 240	
ttc tac ttc ggc act tac ctg cca cac aag cct gag cca ggc cct gca	944
Phe Tyr Phe Gly Thr Tyr Leu Pro His Lys Pro Glu Pro Gly Pro Ala	
245 250 255	

gca ggc tct cag gtg atg gcc tgg ttc agg gcc aag aca agt gag gca 992
 Ala Gly Ser Gln Val Met Ala Trp Phe Arg Ala Lys Thr Ser Glu Ala
 260 265 270 275

tct gat gtg atg agt ttc ctg aca tgc tac cac ttt gac ctg cac tgg 1040
 Ser Asp Val Met Ser Phe Leu Thr Cys Tyr His Phe Asp Leu His Trp
 280 285 290

gag cac cac agg tgg ccc ttt gcc ccc tgg tgg cag ctg ccc cac tgc 1088
 Glu His His Arg Trp Pro Phe Ala Pro Trp Trp Gln Leu Pro His Cys
 295 300 305

cgc cgc ctg tcc ggg cgt ggc ctg gtg cct gcc ttg gca tga 1130
 Arg Arg Leu Ser Gly Arg Gly Leu Val Pro Ala Leu Ala
 310 315 320

cctgggtccct ccgctggtga cccagcgtct gcacaagagt gtcattgctac aggggtgctgc 1190

ggccagtggc agcgcagtgc actctcagcc tgtatggggc taccgctgtg ccactgagca 1250

ctgggcatgc cactgagcac tgggcgtgct actgagcaat gggcgtgcta ctgagcaatg 1310

ggcgtgctac tgacaatggg cgtgctactg gggctctggca gtggctagga tggagtttga 1370

tgcattcagt agcgggtggc aacgtcatgt ggatggtgga agtgctgagg ggtttaggca 1430

gccggcattt gagaggggcta agttataaat cgcattgctgc tcatgcgcac atatctgcac 1490

acagccaggg aaatcccttc gagagtgatt atgggacact tgtatttggtt tcgtgctatt 1550

gttttattca gcagcagtac ttagtgaggg tgagagcagg gtgggtgagag tggagtgagt 1610

gagtatgaac ctgggtcagcg aggtgaacag cctgtaatga atgactctgt ct 1662

<210> 18

<211> 320

<212> PRT

<213> Haematococcus pluvialis

<400> 18

Met His Val Ala Ser Ala Leu Met Val Glu Gln Lys Gly Ser Glu Ala
 1 5 10 15

Ala Ala Ser Ser Pro Asp Val Leu Arg Ala Trp Ala Thr Gln Tyr His
 20 25 30

Met Pro Ser Glu Ser Ser Asp Ala Ala Arg Pro Ala Leu Lys His Ala
 35 40 45

Tyr Lys Pro Pro Ala Ser Asp Ala Lys Gly Ile Thr Met Ala Leu Thr
 50 55 60

Ile Ile Gly Thr Trp Thr Ala Val Phe Leu His Ala Ile Phe Gln Ile
 65 70 75 80

Arg Leu Pro Thr Ser Met Asp Gln Leu His Trp Leu Pro Val Ser Glu
 85 90 95

Ala Thr Ala Gln Leu Leu Gly Gly Ser Ser Ser Leu Leu His Ile Ala
 100 105 110

Ala Val Phe Ile Val Leu Glu Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr
 115 120 125

Thr His Asp Ala Met His Gly Thr Ile Ala Leu Arg His Arg Gln Leu
 130 135 140

Asn Asp Leu Leu Gly Asn Ile Cys Ile Ser Leu Tyr Ala Trp Phe Asp
 145 150 155 160

Tyr Ser Met Leu His Arg Lys His Trp Glu His His Asn His Thr Gly
 165 170 175

Glu Val Gly Lys Asp Pro Asp Phe His Lys Gly Asn Pro Gly Leu Val
 180 185 190

Pro Trp Phe Ala Ser Phe Met Ser Ser Tyr Met Ser Leu Trp Gln Phe
 195 200 205

Ala Arg Leu Ala Trp Trp Ala Val Val Met Gln Met Leu Gly Ala Pro
 210 215 220

Met Ala Asn Leu Leu Val Phe Met Ala Ala Ala Pro Ile Leu Ser Ala
 225 230 235 240

Phe Arg Leu Phe Tyr Phe Gly Thr Tyr Leu Pro His Lys Pro Glu Pro
 245 250 255

27

Gly Pro Ala Ala Gly Ser Gln Val Met Ala Trp Phe Arg Ala Lys Thr
 260 265 270

Ser Glu Ala Ser Asp Val Met Ser Phe Leu Thr Cys Tyr His Phe Asp
 275 280 285

Leu His Trp Glu His His Arg Trp Pro Phe Ala Pro Trp Trp Gln Leu
 290 295 300

Pro His Cys Arg Arg Leu Ser Gly Arg Gly Leu Val Pro Ala Leu Ala
 305 310 315 320

<210> 19

<211> 729

<212> DNA

<213> *Agrobacterium aurantiacum*

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (729)

<223>

<400> 19

atg agc gca cat gcc ctg ccc aag gca gat ctg acc gcc acc agc ctg 48
 Met Ser Ala His Ala Leu Pro Lys Ala Asp Leu Thr Ala Thr Ser Leu
 1 5 10 15

atc gtc tcg ggc ggc atc atc gcc gct tgg ctg gcc ctg cat gtg cat 96
 Ile Val Ser Gly Gly Ile Ile Ala Ala Trp Leu Ala Leu His Val His
 20 25 30

gcg ctg tgg ttt ctg gac gca gcg gcg cat ccc atc ctg gcg atc gca 144
 Ala Leu Trp Phe Leu Asp Ala Ala Ala His Pro Ile Leu Ala Ile Ala
 35 40 45

aat ttc ctg ggg ctg acc tgg ctg tcg gtc gga ttg ttc atc atc gcg 192
 Asn Phe Leu Gly Leu Thr Trp Leu Ser Val Gly Leu Phe Ile Ile Ala
 50 55 60

cat gac gcg atg cac ggg tcg gtg gtg ccg ggg cgt ccg cgc gcc aat 240
 His Asp Ala Met His Gly Ser Val Val Pro Gly Arg Pro Arg Ala Asn
 65 70 75 80

gcg gcg atg ggc cag ctt gtc ctg tgg ctg tat gcc gga ttt tcg tgg	288
Ala Ala Met Gly Gln Leu Val Leu Trp Leu Tyr Ala Gly Phe Ser Trp	
85 90 95	
cgc aag atg atc gtc aag cac atg gcc cat cac cgc cat gcc gga acc	336
Arg Lys Met Ile Val Lys His Met Ala His His Arg His Ala Gly Thr	
100 105 110	
gac gac gac ccc gat ttc gac cat ggc ggc ccg gtc cgc tgg tac gcc	384
Asp Asp Asp Pro Asp Phe Asp His Gly Gly Pro Val Arg Trp Tyr Ala	
115 120 125	
cgc ttc atc ggc acc tat ttc ggc tgg cgc gag ggg ctg ctg ctg ccc	432
Arg Phe Ile Gly Thr Tyr Phe Gly Trp Arg Glu Gly Leu Leu Leu Pro	
130 135 140	
gtc atc gtg acg gtc tat gcg ctg atc ctt ggg gat cgc tgg atg tac	480
Val Ile Val Thr Val Tyr Ala Leu Ile Leu Gly Asp Arg Trp Met Tyr	
145 150 155 160	
gtg gtc ttc tgg ccg ctg ccg tcg atc ctg gcg tcg atc cag ctg ttc	528
Val Val Phe Trp Pro Leu Pro Ser Ile Leu Ala Ser Ile Gln Leu Phe	
165 170 175	
gtg ttc ggc acc tgg ctg ccg cac cgc ccc ggc cac gac gcg ttc ccg	576
Val Phe Gly Thr Trp Leu Pro His Arg Pro Gly His Asp Ala Phe Pro	
180 185 190	
gac cgc cac aat gcg cgg tcg tcg cgg atc agc gac ccc gtg tcg ctg	624
Asp Arg His Asn Ala Arg Ser Ser Arg Ile Ser Asp Pro Val Ser Leu	
195 200 205	
ctg acc tgc ttt cac ttt ggc ggt tat cat cac gaa cac cac ctg cac	672
Leu Thr Cys Phe His Phe Gly Gly Tyr His His Glu His His Leu His	
210 215 220	
ccg acg gtg ccg tgg tgg cgc ctg ccc agc acc cgc acc aag ggg gac	720
Pro Thr Val Pro Trp Trp Arg Leu Pro Ser Thr Arg Thr Lys Gly Asp	
225 230 235 240	
acc gca tga	729
Thr Ala	

<210> 20

<211> 242

<212> PRT

<213> Agrobacterium aurantiacum

<400> 20

Met Ser Ala His Ala Leu Pro Lys Ala Asp Leu Thr Ala Thr Ser Leu
 1 5 10 15

Ile Val Ser Gly Gly Ile Ile Ala Ala Trp Leu Ala Leu His Val His
 20 25 30

Ala Leu Trp Phe Leu Asp Ala Ala Ala His Pro Ile Leu Ala Ile Ala
 35 40 45

Asn Phe Leu Gly Leu Thr Trp Leu Ser Val Gly Leu Phe Ile Ile Ala
 50 55 60

His Asp Ala Met His Gly Ser Val Val Pro Gly Arg Pro Arg Ala Asn
 65 70 75 80

Ala Ala Met Gly Gln Leu Val Leu Trp Leu Tyr Ala Gly Phe Ser Trp
 85 90 95

Arg Lys Met Ile Val Lys His Met Ala His His Arg His Ala Gly Thr
 100 105 110

Asp Asp Asp Pro Asp Phe Asp His Gly Gly Pro Val Arg Trp Tyr Ala
 115 120 125

Arg Phe Ile Gly Thr Tyr Phe Gly Trp Arg Glu Gly Leu Leu Leu Pro
 130 135 140

Val Ile Val Thr Val Tyr Ala Leu Ile Leu Gly Asp Arg Trp Met Tyr
 145 150 155 160

Val Val Phe Trp Pro Leu Pro Ser Ile Leu Ala Ser Ile Gln Leu Phe
 165 170 175

Val Phe Gly Thr Trp Leu Pro His Arg Pro Gly His Asp Ala Phe Pro
 180 185 190

Asp Arg His Asn Ala Arg Ser Ser Arg Ile Ser Asp Pro Val Ser Leu
 195 200 205

Leu Thr Cys Phe His Phe Gly Gly Tyr His His Glu His His Leu His
 210 215 220

Pro Thr Val Pro Trp Trp Arg Leu Pro Ser Thr Arg Thr Lys Gly Asp
 225 230 235 240

Thr Ala

<210> 21

<211> 1631

<212> DNA

<213> *Alcaligenes* sp.

<220>

<221> CDS

<222> (99)..(827)

<223>

<400> 21

ctgcaggccg ggcccgggtgg ccaatgggtcg caaccggcag gactggaaca ggacggcggg 60

cgggtctagg ctgtcgccct acgcagcagg agtttcgg atg tcc gga cgg aag cct 116

Met Ser Gly Arg Lys Pro
 1 5

ggc aca act ggc gac acg atc gtc aat ctc ggt ctg acc gcc gcg atc 164

Gly Thr Thr Gly Asp Thr Ile Val Asn Leu Gly Leu Thr Ala Ala Ile
 10 15 20

ctg ctg tgc tgg ctg gtc ctg cac gcc ttt acg cta tgg ttg cta gat 212

Leu Leu Cys Trp Leu Val Leu His Ala Phe Thr Leu Trp Leu Leu Asp
 25 30 35

gcg gcc gcg cat ccg ctg ctt gcc gtg ctg tgc ctg gct ggg ctg acc 260

Ala Ala Ala His Pro Leu Leu Ala Val Leu Cys Leu Ala Gly Leu Thr
 40 45 50

tgg ctg tgc gtc ggg ctg ttc atc atc gcg cat gac gca atg cac ggg 308

Trp Leu Ser Val Gly Leu Phe Ile Ile Ala His Asp Ala Met His Gly
 55 60 65 70

tcc gtg gtg ccg ggg cgg ccg cgc gcc aat gcg gcg atc ggg caa ctg 356

Ser Val Val Pro Gly Arg Pro Arg Ala Asn Ala Ala Ile Gly Gln Leu
 75 80 85

gcg ctg tgg ctc tat gcg ggg ttc tcg tgg ccc aag ctg atc gcc aag Ala Leu Trp Leu Tyr Ala Gly Phe Ser Trp Pro Lys Leu Ile Ala Lys 90 95 100	404
cac atg acg cat cac cgg cac gcc ggc acc gac aac gat ccc gat ttc His Met Thr His His Arg His Ala Gly Thr Asp Asn Asp Pro Asp Phe 105 110 115	452
ggt cac gga ggg ccc gtg cgc tgg tac ggc agc ttc gtc tcc acc tat Gly His Gly Gly Pro Val Arg Trp Tyr Gly Ser Phe Val Ser Thr Tyr 120 125 130	500
ttc ggc tgg cga gag gga ctg ctg cta ccg gtg atc gtc acc acc tat Phe Gly Trp Arg Glu Gly Leu Leu Leu Pro Val Ile Val Thr Thr Tyr 135 140 145 150	548
gcg ctg atc ctg ggc gat cgc tgg atg tat gtc atc ttc tgg ccg gtc Ala Leu Ile Leu Gly Asp Arg Trp Met Tyr Val Ile Phe Trp Pro Val 155 160 165	596
ccg gcc gtt ctg gcg tgc atc cag att ttc gtc ttc gga act tgg ctg Pro Ala Val Leu Ala Ser Ile Gln Ile Phe Val Phe Gly Thr Trp Leu 170 175 180	644
ccc cac cgc ccg gga cat gac gat ttt ccc gac cgg cac aac gcg agg Pro His Arg Pro Gly His Asp Asp Phe Pro Asp Arg His Asn Ala Arg 185 190 195	692
tcg acc ggc atc ggc gac ccg ttg tca cta ctg acc tgc ttc cat ttc Ser Thr Gly Ile Gly Asp Pro Leu Ser Leu Leu Thr Cys Phe His Phe 200 205 210	740
ggc ggc tat cac cac gaa cat cac ctg cat ccg cat gtg ccg tgg tgg Gly Gly Tyr His His Glu His His Leu His Pro His Val Pro Trp Trp 215 220 225 230	788
cgc ctg cct cgt aca cgc aag acc gga ggc cgc gca tga cgcaattcct Arg Leu Pro Arg Thr Arg Lys Thr Gly Gly Arg Ala 235 240	837
caattgtcgtg gcgacagtcc tcgtgatgga gctgaccgcc tattccgtcc accgctggat	897
tatgcacggc cccctaggct ggggctggca caagtcccat cacgaagagc acgaccacgc	957
gttggaagaag aacgacctct acggcgctcgt cttcgcggtg ctggcgacga tcctcttcac	1017
cgtgggcgcc tattggtggc cgggtcgtgtg gtggatcgcc ctgggcatga cggctctatgg	1077
gttgatctat ttcacctcgc acgacgggct tgtgcatcaa cgctggcctt ttcggtatat	1137
tcgcggcgcg ggctatttcc gcaggctcta ccaagctcat cgctgcacc acgcggtcga	1197
ggggcgggac cactgcgtca gtttcggctt catctatgcc ccacccgtgg acaagctgaa	1257
gcaggatctg aagcggtcgg gtgtcctgcg ccccaggac gagcgctcgt cgtgatctct	1317

gatccccggcg tggccgcatg aaatccgacg tgctgctggc agggggccggc cttgccaacg 1377
gactgatcgc gctggcgatc cgcaaggcgc ggccccgacct tcgctgtctg ctgctggacc 1437
gtgcgggcggg cgcctcggac gggcatactt ggtcctgcca cgacaccgat ttggcgccgc 1497
actggctgga ccgcctgaag ccgatcaggc gtggcgactg gcccgatcag gaggtgcggt 1557
tcccagacca ttcgcggaagg ctccggggccg gatatggctc gatcgacggg cgggggctga 1617
tgctgtcggt gacc 1631

<210> 22

<211> 242

<212> PRT

<213> *Alcaligenes* sp.

<400> 22

Met Ser Gly Arg Lys Pro Gly Thr Thr Gly Asp Thr Ile Val Asn Leu
1 5 10 15

Gly Leu Thr Ala Ala Ile Leu Leu Cys Trp Leu Val Leu His Ala Phe
20 25 30

Thr Leu Trp Leu Leu Asp Ala Ala Ala His Pro Leu Leu Ala Val Leu
35 40 45

Cys Leu Ala Gly Leu Thr Trp Leu Ser Val Gly Leu Phe Ile Ile Ala
50 55 60

His Asp Ala Met His Gly Ser Val Val Pro Gly Arg Pro Arg Ala Asn
65 70 75 80

Ala Ala Ile Gly Gln Leu Ala Leu Trp Leu Tyr Ala Gly Phe Ser Trp
85 90 95

Pro Lys Leu Ile Ala Lys His Met Thr His His Arg His Ala Gly Thr
100 105 110

Asp Asn Asp Pro Asp Phe Gly His Gly Gly Pro Val Arg Trp Tyr Gly
115 120 125

Ser Phe Val Ser Thr Tyr Phe Gly Trp Arg Glu Gly Leu Leu Leu Pro
 130 135 140

Val Ile Val Thr Thr Tyr Ala Leu Ile Leu Gly Asp Arg Trp Met Tyr
 145 150 155 160

Val Ile Phe Trp Pro Val Pro Ala Val Leu Ala Ser Ile Gln Ile Phe
 165 170 175

Val Phe Gly Thr Trp Leu Pro His Arg Pro Gly His Asp Asp Phe Pro
 180 185 190

Asp Arg His Asn Ala Arg Ser Thr Gly Ile Gly Asp Pro Leu Ser Leu
 195 200 205

Leu Thr Cys Phe His Phe Gly Gly Tyr His His Glu His His Leu His
 210 215 220

Pro His Val Pro Trp Trp Arg Leu Pro Arg Thr Arg Lys Thr Gly Gly
 225 230 235 240

Arg Ala

<210> 23

<211> 729

<212> DNA

<213> Paracoccus marcusii

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (729)

<223>

<400> 23

atg agc gca cat gcc ctg ccc aag gca gat ctg acc gcc aca agc ctg

48

Met	Ser	Ala	His	Ala	Leu	Pro	Lys	Ala	Asp	Leu	Thr	Ala	Thr	Ser	Leu	
1				5					10					15		
atc	gtc	tcg	ggc	ggc	atc	atc	gcc	gca	tgg	ctg	gcc	ctg	cat	gtg	cat	96
Ile	Val	Ser	Gly	Gly	Ile	Ile	Ala	Ala	Trp	Leu	Ala	Leu	His	Val	His	
			20				25					30				
gcg	ctg	tgg	ttt	ctg	gac	gcg	gcg	gcc	cat	ccc	atc	ctg	gcg	gtc	gcg	144
Ala	Leu	Trp	Phe	Leu	Asp	Ala	Ala	Ala	His	Pro	Ile	Leu	Ala	Val	Ala	
	35					40					45					
aat	ttc	ctg	ggg	ctg	acc	tgg	ctg	tcg	gtc	gga	ttg	ttc	atc	atc	gcg	192
Asn	Phe	Leu	Gly	Leu	Thr	Trp	Leu	Ser	Val	Gly	Leu	Phe	Ile	Ile	Ala	
	50					55				60						
cat	gac	gcg	atg	cac	ggg	tcg	gtc	gtg	ccg	ggg	cgt	ccg	cgc	gcc	aat	240
His	Asp	Ala	Met	His	Gly	Ser	Val	Val	Pro	Gly	Arg	Pro	Arg	Ala	Asn	
65				70					75					80		
gcg	gcg	atg	ggc	cag	ctt	gtc	ctg	tgg	ctg	tat	gcc	gga	ttt	tcg	tgg	288
Ala	Ala	Met	Gly	Gln	Leu	Val	Leu	Trp	Leu	Tyr	Ala	Gly	Phe	Ser	Trp	
			85					90					95			
cgc	aag	atg	atc	gtc	aag	cac	atg	gcc	cat	cac	cgc	cat	gcc	gga	acc	336
Arg	Lys	Met	Ile	Val	Lys	His	Met	Ala	His	His	Arg	His	Ala	Gly	Thr	
			100					105					110			
gac	gac	gac	cca	gat	ttc	gac	cat	ggc	ggc	ccg	gtc	cgc	tgg	tac	gcc	384
Asp	Asp	Asp	Pro	Asp	Phe	Asp	His	Gly	Gly	Pro	Val	Arg	Trp	Tyr	Ala	
		115					120				125					
cgc	ttc	atc	ggc	acc	tat	ttc	ggc	tgg	cgc	gag	ggg	ctg	ctg	ctg	ccc	432
Arg	Phe	Ile	Gly	Thr	Tyr	Phe	Gly	Trp	Arg	Glu	Gly	Leu	Leu	Leu	Pro	
	130					135				140						
gtc	atc	gtg	acg	gtc	tat	gcg	ctg	atc	ctg	ggg	gat	cgc	tgg	atg	tac	480
Val	Ile	Val	Thr	Val	Tyr	Ala	Leu	Ile	Leu	Gly	Asp	Arg	Trp	Met	Tyr	
145				150					155					160		
gtg	gtc	ttc	tgg	ccg	ttg	ccg	tcg	atc	ctg	gcg	tcg	atc	cag	ctg	ttc	528
Val	Val	Phe	Trp	Pro	Leu	Pro	Ser	Ile	Leu	Ala	Ser	Ile	Gln	Leu	Phe	
			165					170					175			
gtg	ttc	ggc	act	tgg	ctg	ccg	cac	cgc	ccc	ggc	cac	gac	gcg	ttc	ccg	576
Val	Phe	Gly	Thr	Trp	Leu	Pro	His	Arg	Pro	Gly	His	Asp	Ala	Phe	Pro	
			180					185				190				
gac	cgc	cat	aat	gcg	cgg	tcg	tcg	cgg	atc	agc	gac	cct	gtg	tcg	ctg	624
Asp	Arg	His	Asn	Ala	Arg	Ser	Ser	Arg	Ile	Ser	Asp	Pro	Val	Ser	Leu	
		195					200					205				
ctg	acc	tgc	ttt	cat	ttt	ggc	ggt	tat	cat	cac	gaa	cac	cac	ctg	cac	672
Leu	Thr	Cys	Phe	His	Phe	Gly	Gly	Tyr	His	His	Glu	His	His	Leu	His	
	210					215					220					
ccg	acg	gtg	ccg	tgg	tgg	cgc	ctg	ccc	agc	acc	cgc	acc	aag	ggg	gac	720

Pro Thr Val Pro Trp Trp Arg Leu Pro Ser Thr Arg Thr Lys Gly Asp
 225 230 235 240

acc gca tga
 Thr Ala

729

<210> 24

<211> 242

<212> PRT

<213> *Paracoccus marcusii*

<400> 24

Met Ser Ala His Ala Leu Pro Lys Ala Asp Leu Thr Ala Thr Ser Leu
 1 5 10 15

Ile Val Ser Gly Gly Ile Ile Ala Ala Trp Leu Ala Leu His Val His
 20 25 30

Ala Leu Trp Phe Leu Asp Ala Ala Ala His Pro Ile Leu Ala Val Ala
 35 40 45

Asn Phe Leu Gly Leu Thr Trp Leu Ser Val Gly Leu Phe Ile Ile Ala
 50 55 60

His Asp Ala Met His Gly Ser Val Val Pro Gly Arg Pro Arg Ala Asn
 65 70 75 80

Ala Ala Met Gly Gln Leu Val Leu Trp Leu Tyr Ala Gly Phe Ser Trp
 85 90 95

Arg Lys Met Ile Val Lys His Met Ala His His Arg His Ala Gly Thr
 100 105 110

Asp Asp Asp Pro Asp Phe Asp His Gly Gly Pro Val Arg Trp Tyr Ala
 115 120 125

Arg Phe Ile Gly Thr Tyr Phe Gly Trp Arg Glu Gly Leu Leu Leu Pro
 130 135 140

Val Ile Val Thr Val Tyr Ala Leu Ile Leu Gly Asp Arg Trp Met Tyr
 145 150 155 160

Val Val Phe Trp Pro Leu Pro Ser Ile Leu Ala Ser Ile Gln Leu Phe
 165 170 175

Val Phe Gly Thr Trp Leu Pro His Arg Pro Gly His Asp Ala Phe Pro
 180 185 190

Asp Arg His Asn Ala Arg Ser Ser Arg Ile Ser Asp Pro Val Ser Leu
 195 200 205

Leu Thr Cys Phe His Phe Gly Gly Tyr His His Glu His His Leu His
 210 215 220

Pro Thr Val Pro Trp Trp Arg Leu Pro Ser Thr Arg Thr Lys Gly Asp
 225 230 235 240

Thr Ala

<210> 25

<211> 1629

<212> DNA

<213> Synechococystis

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1629)

<223>

<400> 25

atg atc acc acc gat gtt gtc att att ggg gcg ggg cac aat ggc tta 48
 Met Ile Thr Thr Asp Val Val Ile Ile Gly Ala Gly His Asn Gly Leu
 1 5 10 15

gtc tgt gca gcc tat ttg ctc caa cgg ggc ttg ggg gtg acg tta cta 96
 Val Cys Ala Ala Tyr Leu Leu Gln Arg Gly Leu Gly Val Thr Leu Leu
 20 25 30

gaa aag cgg gaa gta cca ggg ggg gcg gcc acc aca gaa gct ctc atg	144
Glu Lys Arg Glu Val Pro Gly Gly Ala Ala Thr Thr Glu Ala Leu Met	
35 40 45	
ccg gag cta tcc ccc cag ttt cgc ttt aac cgc tgt gcc att gac cac	192
Pro Glu Leu Ser Pro Gln Phe Arg Phe Asn Arg Cys Ala Ile Asp His	
50 55 60	
gaa ttt atc ttt ctg ggg cgg gtg ttg cag gag cta aat tta gcc cag	240
Glu Phe Ile Phe Leu Gly Pro Val Leu Gln Glu Leu Asn Leu Ala Gln	
65 70 75 80	
tat ggt ttg gaa tat tta ttt tgt gac ccc agt gtt ttt tgt ccg ggg	288
Tyr Gly Leu Glu Tyr Leu Phe Cys Asp Pro Ser Val Phe Cys Pro Gly	
85 90 95	
ctg gat ggc caa gct ttt atg agc tac cgt tcc cta gaa aaa acc tgt	336
Leu Asp Gly Gln Ala Phe Met Ser Tyr Arg Ser Leu Glu Lys Thr Cys	
100 105 110	
gcc cac att gcc acc tat agc ccc cga gat gcg gaa aaa tat cgg caa	384
Ala His Ile Ala Thr Tyr Ser Pro Arg Asp Ala Glu Lys Tyr Arg Gln	
115 120 125	
ttt gtc aat tat tgg acg gat ttg ctc aac gct gtc cag cct gct ttt	432
Phe Val Asn Tyr Trp Thr Asp Leu Leu Asn Ala Val Gln Pro Ala Phe	
130 135 140	
aat gct ccg ccc cag gct tta cta gat tta gcc ctg aac tat ggt tgg	480
Asn Ala Pro Pro Gln Ala Leu Leu Asp Leu Ala Leu Asn Tyr Gly Trp	
145 150 155 160	
gaa aac tta aaa tcc gtg ctg gcg atc gcc ggg tcg aaa acc aag gcg	528
Glu Asn Leu Lys Ser Val Leu Ala Ile Ala Gly Ser Lys Thr Lys Ala	
165 170 175	
ttg gat ttt atc cgc act atg atc ggc tcc ccg gaa gat gtg ctc aat	576
Leu Asp Phe Ile Arg Thr Met Ile Gly Ser Pro Glu Asp Val Leu Asn	
180 185 190	
gaa tgg ttc gac agc gaa cgg gtt aaa gct cct tta gct aga cta tgt	624
Glu Trp Phe Asp Ser Glu Arg Val Lys Ala Pro Leu Ala Arg Leu Cys	
195 200 205	
tcg gaa att ggc gct ccc cca tcc caa aag ggt agt agc tcc ggc atg	672
Ser Glu Ile Gly Ala Pro Pro Ser Gln Lys Gly Ser Ser Ser Gly Met	
210 215 220	
atg atg gtg gcc atg cgg cat ttg gag gga att gcc aga cca aaa gga	720
Met Met Val Ala Met Arg His Leu Glu Gly Ile Ala Arg Pro Lys Gly	
225 230 235 240	
ggc act gga gcc ctc aca gaa gcc ttg gtg aag tta gtg caa gcc caa	768
Gly Thr Gly Ala Leu Thr Glu Ala Leu Val Lys Leu Val Gln Ala Gln	
245 250 255	

ggg gga aaa atc ctc act gac caa acc gtc aaa cgg gta ttg gtg gaa	816
Gly Gly Lys Ile Leu Thr Asp Gln Thr Val Lys Arg Val Leu Val Glu	
260 265 270	
aac aac cag gcg atc ggg gtg gag gta gct aac gga gaa cag tac cgg	864
Asn Asn Gln Ala Ile Gly Val Glu Val Ala Asn Gly Glu Gln Tyr Arg	
275 280 285	
gcc aaa aaa ggc gtg att tct aac atc gat gcc cgc cgt tta ttt ttg	912
Ala Lys Lys Gly Val Ile Ser Asn Ile Asp Ala Arg Arg Leu Phe Leu	
290 295 300	
caa ttg gtg gaa ccg ggg gcc cta gcc aag gtg aat caa aac cta ggg	960
Gln Leu Val Glu Pro Gly Ala Leu Ala Lys Val Asn Gln Asn Leu Gly	
305 310 315 320	
gaa cga ctg gaa cgg cgc act gtg aac aat aac gaa gcc att tta aaa	1008
Glu Arg Leu Glu Arg Arg Thr Val Asn Asn Asn Glu Ala Ile Leu Lys	
325 330 335	
atc gat tgt gcc ctc tcc ggt tta ccc cac ttc act gcc atg gcc ggg	1056
Ile Asp Cys Ala Leu Ser Gly Leu Pro His Phe Thr Ala Met Ala Gly	
340 345 350	
ccg gag gat cta acg gga act att ttg att gcc gac tcg gta cgc cat	1104
Pro Glu Asp Leu Thr Gly Thr Ile Leu Ile Ala Asp Ser Val Arg His	
355 360 365	
gtc gag gaa gcc cac gcc ctc att gcc ttg ggg caa att ccc gat gct	1152
Val Glu Glu Ala His Ala Leu Ile Ala Leu Gly Gln Ile Pro Asp Ala	
370 375 380	
aat ccg tct tta tat ttg gat att ccc act gta ttg gac ccc acc atg	1200
Asn Pro Ser Leu Tyr Leu Asp Ile Pro Thr Val Leu Asp Pro Thr Met	
385 390 395 400	
gcc ccc cct ggg cag cac acc ctc tgg atc gaa ttt ttt gcc ccc tac	1248
Ala Pro Pro Gly Gln His Thr Leu Trp Ile Glu Phe Phe Ala Pro Tyr	
405 410 415	
cgc atc gcc ggg ttg gaa ggg aca ggg tta atg ggc aca ggt tgg acc	1296
Arg Ile Ala Gly Leu Glu Gly Thr Gly Leu Met Gly Thr Gly Trp Thr	
420 425 430	
gat gag tta aag gaa aaa gtg gcg gat cgg gtg att gat aaa tta acg	1344
Asp Glu Leu Lys Glu Lys Val Ala Asp Arg Val Ile Asp Lys Leu Thr	
435 440 445	
gac tat gcc cct aac cta aaa tct ctg atc att ggt cgc cga gtg gaa	1392
Asp Tyr Ala Pro Asn Leu Lys Ser Leu Ile Ile Gly Arg Arg Val Glu	
450 455 460	
agt ccc gcc gaa ctg gcc caa cgg ctg gga agt tac aac ggc aat gtc	1440
Ser Pro Ala Glu Leu Ala Gln Arg Leu Gly Ser Tyr Asn Gly Asn Val	
465 470 475 480	

tat cat ctg gat atg agt ttg gac caa atg atg ttc ctc cgg cct cta 1488
 Tyr His Leu Asp Met Ser Leu Asp Gln Met Met Phe Leu Arg Pro Leu
 485 490 495

ccg gaa att gcc aac tac caa acc ccc atc aaa aat ctt tac tta aca 1536
 Pro Glu Ile Ala Asn Tyr Gln Thr Pro Ile Lys Asn Leu Tyr Leu Thr
 500 505 510

ggg gcg ggt acc cat ccc ggt ggc tcc ata tca ggt atg ccc ggt aga 1584
 Gly Ala Gly Thr His Pro Gly Gly Ser Ile Ser Gly Met Pro Gly Arg
 515 520 525

aat tgc gct cgg gtc ttt tta aaa caa caa cgt cgt ttt tgg taa 1629
 Asn Cys Ala Arg Val Phe Leu Lys Gln Gln Arg Arg Phe Trp
 530 535 540

<210> 26

<211> 542

<212> PRT

<213> Synechococystis

<400> 26

Met Ile Thr Thr Asp Val Val Ile Ile Gly Ala Gly His Asn Gly Leu
 1 5 10 15

Val Cys Ala Ala Tyr Leu Leu Gln Arg Gly Leu Gly Val Thr Leu Leu
 20 25 30

Glu Lys Arg Glu Val Pro Gly Gly Ala Ala Thr Thr Glu Ala Leu Met
 35 40 45

Pro Glu Leu Ser Pro Gln Phe Arg Phe Asn Arg Cys Ala Ile Asp His
 50 55 60

Glu Phe Ile Phe Leu Gly Pro Val Leu Gln Glu Leu Asn Leu Ala Gln
 65 70 75 80

Tyr Gly Leu Glu Tyr Leu Phe Cys Asp Pro Ser Val Phe Cys Pro Gly
 85 90 95

Leu Asp Gly Gln Ala Phe Met Ser Tyr Arg Ser Leu Glu Lys Thr Cys
 100 105 110

Ala His Ile Ala Thr Tyr Ser Pro Arg Asp Ala Glu Lys Tyr Arg Gln
 115 120 125

Phe Val Asn Tyr Trp Thr Asp Leu Leu Asn Ala Val Gln Pro Ala Phe
 130 135 140

Asn Ala Pro Pro Gln Ala Leu Leu Asp Leu Ala Leu Asn Tyr Gly Trp
 145 150 155 160

Glu Asn Leu Lys Ser Val Leu Ala Ile Ala Gly Ser Lys Thr Lys Ala
 165 170 175

Leu Asp Phe Ile Arg Thr Met Ile Gly Ser Pro Glu Asp Val Leu Asn
 180 185 190

Glu Trp Phe Asp Ser Glu Arg Val Lys Ala Pro Leu Ala Arg Leu Cys
 195 200 205

Ser Glu Ile Gly Ala Pro Pro Ser Gln Lys Gly Ser Ser Ser Gly Met
 210 215 220

Met Met Val Ala Met Arg His Leu Glu Gly Ile Ala Arg Pro Lys Gly
 225 230 235 240

Gly Thr Gly Ala Leu Thr Glu Ala Leu Val Lys Leu Val Gln Ala Gln
 245 250 255

Gly Gly Lys Ile Leu Thr Asp Gln Thr Val Lys Arg Val Leu Val Glu
 260 265 270

Asn Asn Gln Ala Ile Gly Val Glu Val Ala Asn Gly Glu Gln Tyr Arg
 275 280 285

Ala Lys Lys Gly Val Ile Ser Asn Ile Asp Ala Arg Arg Leu Phe Leu
 290 295 300

Gln Leu Val Glu Pro Gly Ala Leu Ala Lys Val Asn Gln Asn Leu Gly
 305 310 315 320

Glu Arg Leu Glu Arg Arg Thr Val Asn Asn Asn Glu Ala Ile Leu Lys
 325 330 335

Ile Asp Cys Ala Leu Ser Gly Leu Pro His Phe Thr Ala Met Ala Gly
 340 345 350

Pro Glu Asp Leu Thr Gly Thr Ile Leu Ile Ala Asp Ser Val Arg His
 355 360 365

Val Glu Glu Ala His Ala Leu Ile Ala Leu Gly Gln Ile Pro Asp Ala
 370 375 380

Asn Pro Ser Leu Tyr Leu Asp Ile Pro Thr Val Leu Asp Pro Thr Met
 385 390 395 400

Ala Pro Pro Gly Gln His Thr Leu Trp Ile Glu Phe Phe Ala Pro Tyr
 405 410 415

Arg Ile Ala Gly Leu Glu Gly Thr Gly Leu Met Gly Thr Gly Trp Thr
 420 425 430

Asp Glu Leu Lys Glu Lys Val Ala Asp Arg Val Ile Asp Lys Leu Thr
 435 440 445

Asp Tyr Ala Pro Asn Leu Lys Ser Leu Ile Ile Gly Arg Arg Val Glu
 450 455 460

Ser Pro Ala Glu Leu Ala Gln Arg Leu Gly Ser Tyr Asn Gly Asn Val
 465 470 475 480

Tyr His Leu Asp Met Ser Leu Asp Gln Met Met Phe Leu Arg Pro Leu
 485 490 495

Pro Glu Ile Ala Asn Tyr Gln Thr Pro Ile Lys Asn Leu Tyr Leu Thr
 500 505 510

Gly Ala Gly Thr His Pro Gly Gly Ser Ile Ser Gly Met Pro Gly Arg
 515 520 525

Asn Cys Ala Arg Val Phe Leu Lys Gln Gln Arg Arg Phe Trp
 530 535 540

<211> 776

<212> DNA

<213> Bradyrhizobium sp.

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (774)

<223>

<400> 27

atg cat gca gca acc gcc aag gct act gag ttc ggg gcc tct cgg cgc	48
Met His Ala Ala Thr Ala Lys Ala Thr Glu Phe Gly Ala Ser Arg Arg	
1 5 10 15	
gac gat gcg agg cag cgc cgc gtc ggt ctc acg ctg gcc gcg gtc atc	96
Asp Asp Ala Arg Gln Arg Arg Val Gly Leu Thr Leu Ala Ala Val Ile	
20 25 30	
atc gcc gcc tgg ctg gtg ctg cat gtc ggt ctg atg ttc ttc tgg ccg	144
Ile Ala Ala Trp Leu Val Leu His Val Gly Leu Met Phe Phe Trp Pro	
35 40 45	
ctg acc ctt cac agc ctg ctg ccg gct ttg cct ctg gtg gtg ctg cag	192
Leu Thr Leu His Ser Leu Leu Pro Ala Leu Pro Leu Val Val Leu Gln	
50 55 60	
acc tgg ctc tat gta ggc ctg ttc atc atc gcg cat gac tgc atg cac	240
Thr Trp Leu Tyr Val Gly Leu Phe Ile Ile Ala His Asp Cys Met His	
65 70 75 80	
ggc tcg ctg gtg ccg ttc aag ccg cag gtc aac cgc cgt atc gga cag	288
Gly Ser Leu Val Pro Phe Lys Pro Gln Val Asn Arg Arg Ile Gly Gln	
85 90 95	
ctc tgc ctg ttc ctc tat gcc ggg ttc tcc ttc gac gct ctc aat gtc	336
Leu Cys Leu Phe Leu Tyr Ala Gly Phe Ser Phe Asp Ala Leu Asn Val	
100 105 110	
gag cac cac aag cat cac cgc cat ccc ggc acg gcc gag gat ccc gat	384
Glu His His Lys His His Arg His Pro Gly Thr Ala Glu Asp Pro Asp	
115 120 125	
ttc gac gag gtg ccg ccg cac ggc ttc tgg cac tgg ttc gcc agc ttt	432
Phe Asp Glu Val Pro Pro His Gly Phe Trp His Trp Phe Ala Ser Phe	
130 135 140	
ttc ctg cac tat ttc ggc tgg aag cag gtc gcg atc atc gca gcc gtc	480

Phe	Leu	His	Tyr	Phe	Gly	Trp	Lys	Gln	Val	Ala	Ile	Ile	Ala	Ala	Val		
145					150					155					160		
tcg	ctg	gtt	tat	cag	ctc	gtc	ttc	gcc	gtt	ccc	ttg	cag	aac	atc	ctg	528	
Ser	Leu	Val	Tyr	Gln	Leu	Val	Phe	Ala	Val	Pro	Leu	Gln	Asn	Ile	Leu		
				165					170					175			
ctg	ttc	tgg	gcg	ctg	ccc	ggg	ctg	ctg	tcg	gcg	ctg	cag	ctg	ttc	acc	576	
Leu	Phe	Trp	Ala	Leu	Pro	Gly	Leu	Leu	Ser	Ala	Leu	Gln	Leu	Phe	Thr		
			180					185					190				
ttc	ggc	acc	tat	ctg	ccg	cac	aag	ccg	gcc	acg	cag	ccc	ttc	gcc	gat	624	
Phe	Gly	Thr	Tyr	Leu	Pro	His	Lys	Pro	Ala	Thr	Gln	Pro	Phe	Ala	Asp		
		195					200					205					
cgc	cac	aac	gcg	cgg	acg	agc	gaa	ttt	ccc	gcg	tgg	ctg	tcg	ctg	ctg	672	
Arg	His	Asn	Ala	Arg	Thr	Ser	Glu	Phe	Pro	Ala	Trp	Leu	Ser	Leu	Leu		
		210				215					220						
acc	tgc	ttc	cac	ttc	ggc	ttt	cat	cac	gag	cat	cat	ctg	cat	ccc	gat	720	
Thr	Cys	Phe	His	Phe	Gly	Phe	His	His	Glu	His	His	Leu	His	Pro	Asp		
225					230					235					240		
gcg	ccg	tgg	tgg	cgg	ctg	ccg	gag	atc	aag	cgg	cgg	gcc	ctg	gaa	agg	768	
Ala	Pro	Trp	Trp	Arg	Leu	Pro	Glu	Ile	Lys	Arg	Arg	Ala	Leu	Glu	Arg		
				245					250					255			
cgt	gac	ta														776	
Arg	Asp																

<210> 28

<211> 258

<212> PRT

<213> Bradyrhizobium sp.

<400> 28

Met	His	Ala	Ala	Thr	Ala	Lys	Ala	Thr	Glu	Phe	Gly	Ala	Ser	Arg	Arg
1				5					10					15	

Asp	Asp	Ala	Arg	Gln	Arg	Arg	Val	Gly	Leu	Thr	Leu	Ala	Ala	Val	Ile
			20					25					30		

Ile	Ala	Ala	Trp	Leu	Val	Leu	His	Val	Gly	Leu	Met	Phe	Phe	Trp	Pro
			35				40					45			

Leu Thr Leu His Ser Leu Leu Pro Ala Leu Pro Leu Val Val Leu Gln
 50 55 60

Thr Trp Leu Tyr Val Gly Leu Phe Ile Ile Ala His Asp Cys Met His
 65 70 75 80

Gly Ser Leu Val Pro Phe Lys Pro Gln Val Asn Arg Arg Ile Gly Gln
 85 90 95

Leu Cys Leu Phe Leu Tyr Ala Gly Phe Ser Phe Asp Ala Leu Asn Val
 100 105 110

Glu His His Lys His His Arg His Pro Gly Thr Ala Glu Asp Pro Asp
 115 120 125

Phe Asp Glu Val Pro Pro His Gly Phe Trp His Trp Phe Ala Ser Phe
 130 135 140

Phe Leu His Tyr Phe Gly Trp Lys Gln Val Ala Ile Ile Ala Ala Val
 145 150 155 160

Ser Leu Val Tyr Gln Leu Val Phe Ala Val Pro Leu Gln Asn Ile Leu
 165 170 175

Leu Phe Trp Ala Leu Pro Gly Leu Leu Ser Ala Leu Gln Leu Phe Thr
 180 185 190

Phe Gly Thr Tyr Leu Pro His Lys Pro Ala Thr Gln Pro Phe Ala Asp
 195 200 205

Arg His Asn Ala Arg Thr Ser Glu Phe Pro Ala Trp Leu Ser Leu Leu
 210 215 220

Thr Cys Phe His Phe Gly Phe His His Glu His His Leu His Pro Asp
 225 230 235 240

Ala Pro Trp Trp Arg Leu Pro Glu Ile Lys Arg Arg Ala Leu Glu Arg
 245 250 255

Arg Asp

<210> 29

<211> 777

<212> DNA

<213> Nostoc sp.

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (777)

<223>

<400> 29

atg gtt cag tgt caa cca tca tct ctg cat tca gaa aaa ctg gtg tta	48
Met Val Gln Cys Gln Pro Ser Ser Leu His Ser Glu Lys Leu Val Leu	
1 5 10 15	

ttg tca tgc aca atc aga gat gat aaa aat att aat aag ggt ata ttt	96
Leu Ser Ser Thr Ile Arg Asp Asp Lys Asn Ile Asn Lys Gly Ile Phe	
20 25 30	

att gcc tgc ttt atc tta ttt tta tgg gca att agt tta atc tta tta	144
Ile Ala Cys Phe Ile Leu Phe Leu Trp Ala Ile Ser Leu Ile Leu Leu	
35 40 45	

ctc tca ata gat aca tcc ata att cat aag agc tta tta ggt ata gcc	192
Leu Ser Ile Asp Thr Ser Ile Ile His Lys Ser Leu Leu Gly Ile Ala	
50 55 60	

atg ctt tgg cag acc ttc tta tat aca ggt tta ttt att act gct cat	240
Met Leu Trp Gln Thr Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ala His	
65 70 75 80	

gat gcc atg cac ggc gta gtt tat ccc aaa aat ccc aga ata aat aat	288
Asp Ala Met His Gly Val Val Tyr Pro Lys Asn Pro Arg Ile Asn Asn	
85 90 95	

ttt ata ggt aag ctc act cta atc ttg tat gga cta ctc cct tat aaa	336
Phe Ile Gly Lys Leu Thr Leu Ile Leu Tyr Gly Leu Leu Pro Tyr Lys	
100 105 110	

gat tta ttg aaa aaa cat tgg tta cac cac gga cat cct ggt act gat	384
Asp Leu Leu Lys Lys His Trp Leu His His Gly His Pro Gly Thr Asp	
115 120 125	

tta gac cct gat tat tac aat ggt cat ccc caa aac ttc ttt ctt tgg	432
Leu Asp Pro Asp Tyr Tyr Asn Gly His Pro Gln Asn Phe Phe Leu Trp	
130 135 140	

tat cta cat ttt atg aag tct tat tgg cga tgg acg caa att ttc gga	480
Tyr Leu His Phe Met Lys Ser Tyr Trp Arg Trp Thr Gln Ile Phe Gly	
145 150 155 160	
tta gtg atg att ttt cat gga ctt aaa aat ctg gtg cat ata cca gaa	528
Leu Val Met Ile Phe His Gly Leu Lys Asn Leu Val His Ile Pro Glu	
165 170 175	
aat aat tta att ata ttt tgg atg ata cct tct att tta agt tca gta	576
Asn Asn Leu Ile Ile Phe Trp Met Ile Pro Ser Ile Leu Ser Ser Val	
180 185 190	
caa cta ttt tat ttt ggt aca ttt ttg cct cat aaa aag cta gaa ggt	624
Gln Leu Phe Tyr Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Lys Lys Leu Glu Gly	
195 200 205	
ggt tat act aac ccc cat tgt gcg cgc agt atc cca tta cct ctt ttt	672
Gly Tyr Thr Asn Pro His Cys Ala Arg Ser Ile Pro Leu Pro Leu Phe	
210 215 220	
tgg tct ttt gtt act tgt tat cac ttc ggc tac cac aag gaa cat cac	720
Trp Ser Phe Val Thr Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Lys Glu His His	
225 230 235 240	
gaa tac cct caa ctt cct tgg tgg aaa tta cct gaa gct cac aaa ata	768
Glu Tyr Pro Gln Leu Pro Trp Trp Lys Leu Pro Glu Ala His Lys Ile	
245 250 255	
tct tta taa	777
Ser Leu	

<210> 30

<211> 258

<212> PRT

<213> Nostoc sp.

<400> 30

Met Val Gln Cys Gln Pro Ser Ser Leu His Ser Glu Lys Leu Val Leu
1 5 10 15

Leu Ser Ser Thr Ile Arg Asp Asp Lys Asn Ile Asn Lys Gly Ile Phe
20 25 30

Ile Ala Cys Phe Ile Leu Phe Leu Trp Ala Ile Ser Leu Ile Leu Leu
35 40 45

Leu Ser Ile Asp Thr Ser Ile Ile His Lys Ser Leu Leu Gly Ile Ala
50 55 60

Met Leu Trp Gln Thr Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ala His
65 70 75 80

Asp Ala Met His Gly Val Val Tyr Pro Lys Asn Pro Arg Ile Asn Asn
85 90 95

Phe Ile Gly Lys Leu Thr Leu Ile Leu Tyr Gly Leu Leu Pro Tyr Lys
100 105 110

Asp Leu Leu Lys Lys His Trp Leu His His Gly His Pro Gly Thr Asp
115 120 125

Leu Asp Pro Asp Tyr Tyr Asn Gly His Pro Gln Asn Phe Phe Leu Trp
130 135 140

Tyr Leu His Phe Met Lys Ser Tyr Trp Arg Trp Thr Gln Ile Phe Gly
145 150 155 160

Leu Val Met Ile Phe His Gly Leu Lys Asn Leu Val His Ile Pro Glu
165 170 175

Asn Asn Leu Ile Ile Phe Trp Met Ile Pro Ser Ile Leu Ser Ser Val
180 185 190

Gln Leu Phe Tyr Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Lys Lys Leu Glu Gly
195 200 205

Gly Tyr Thr Asn Pro His Cys Ala Arg Ser Ile Pro Leu Pro Leu Phe
210 215 220

Trp Ser Phe Val Thr Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Lys Glu His His
225 230 235 240

Glu Tyr Pro Gln Leu Pro Trp Trp Lys Leu Pro Glu Ala His Lys Ile
245 250 255

Ser Leu

<210> 31

<211> 831

<212> DNA

<213> *Haematococcus pluvialis*

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (831)

<223>

<400> 31

atg cca tcc gag tgc tca gac gca gct cgt cct gtg ttg aag cac gcc	48
Met Pro Ser Glu Ser Ser Asp Ala Ala Arg Pro Val Leu Lys His Ala	
1 5 10 15	

tat aaa cct cca gca tct gac gcc aag ggc atc act atg gcg ctg acc	96
Tyr Lys Pro Pro Ala Ser Asp Ala Lys Gly Ile Thr Met Ala Leu Thr	
20 25 30	

atc att ggc acc tgg acc gca gtg ttt tta cac gca ata ttc caa atc	144
Ile Ile Gly Thr Trp Thr Ala Val Phe Leu His Ala Ile Phe Gln Ile	
35 40 45	

agg cta ccg aca tcc atg gac cag ctt cac tgg ttg cct gtg tcc gaa	192
Arg Leu Pro Thr Ser Met Asp Gln Leu His Trp Leu Pro Val Ser Glu	
50 55 60	

gcc aca gcc cag ctg ttg ggc gga agc agc agc cta ttg cac atc gcc	240
Ala Thr Ala Gln Leu Leu Gly Gly Ser Ser Ser Leu Leu His Ile Ala	
65 70 75 80	

gca gtc ttc att gta ctt gag ttt ctg tac act ggt cta ttc atc acc	288
Ala Val Phe Ile Val Leu Glu Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr	
85 90 95	

acg cat gat gca atg cat ggc acc ata gct ttg agg aac agg cag ctc	336
Thr His Asp Ala Met His Gly Thr Ile Ala Leu Arg Asn Arg Gln Leu	
100 105 110	

aat gat ctc ctt ggc aac atc tgc ata tca ctg tac gcc tgg ttt gac	384
Asn Asp Leu Leu Gly Asn Ile Cys Ile Ser Leu Tyr Ala Trp Phe Asp	
115 120 125	

tac agc atg cac tgg gag cac cac aac cat act ggc gaa gtg ggg aaa	432
---	-----

Tyr	Ser	Met	His	Trp	Glu	His	His	Asn	His	Thr	Gly	Glu	Val	Gly	Lys	
130						135					140					
gac	cct	gac	ttc	cac	aaa	gga	aat	cct	ggc	ctt	gtc	ccc	tgg	ttc	gcc	480
Asp	Pro	Asp	Phe	His	Lys	Gly	Asn	Pro	Gly	Leu	Val	Pro	Trp	Phe	Ala	
145					150				155						160	
agc	ttc	atg	tcc	agc	tac	atg	tcc	ctg	tgg	cag	ttt	gcc	cgg	ctg	gca	528
Ser	Phe	Met	Ser	Ser	Tyr	Met	Ser	Leu	Trp	Gln	Phe	Ala	Arg	Leu	Ala	
			165					170						175		
tgg	tgg	gca	gtg	gtg	atg	caa	acg	ttg	ggg	gcc	ccc	atg	gcg	aat	ctc	576
Trp	Trp	Ala	Val	Val	Met	Gln	Thr	Leu	Gly	Ala	Pro	Met	Ala	Asn	Leu	
			180					185						190		
cta	gtc	ttc	atg	gct	gca	gcc	cca	atc	ttg	tca	gca	ttc	cgc	ctc	ttc	624
Leu	Val	Phe	Met	Ala	Ala	Ala	Pro	Ile	Leu	Ser	Ala	Phe	Arg	Leu	Phe	
		195					200					205				
tac	ttc	ggc	act	tac	ctg	cca	cac	aag	cct	gag	cca	ggc	cct	gca	gca	672
Tyr	Phe	Gly	Thr	Tyr	Leu	Pro	His	Lys	Pro	Glu	Pro	Gly	Pro	Ala	Ala	
210					215					220						
ggc	tct	cag	gtc	atg	tct	tgg	ttc	agg	gcc	aag	aca	agt	gag	gca	tct	720
Gly	Ser	Gln	Val	Met	Ser	Trp	Phe	Arg	Ala	Lys	Thr	Ser	Glu	Ala	Ser	
225					230					235					240	
gat	gtg	atg	agc	ttc	ctg	aca	tgc	tac	cac	ttt	gac	ctg	ttt	gcc	ccc	768
Asp	Val	Met	Ser	Phe	Leu	Thr	Cys	Tyr	His	Phe	Asp	Leu	Phe	Ala	Pro	
			245					250						255		
tgg	tgg	cag	ctg	ccc	cac	tgc	cgc	cgc	ctg	tct	ggg	cgt	ggc	ctg	gtg	816
Trp	Trp	Gln	Leu	Pro	His	Cys	Arg	Arg	Leu	Ser	Gly	Arg	Gly	Leu	Val	
			260					265					270			
cct	gcc	ttg	gca	tga												831
Pro	Ala	Leu	Ala													
			275													

<210> 32

<211> 276

<212> PRT

<213> Haematococcus pluvialis

<400> 32

Met	Pro	Ser	Glu	Ser	Ser	Asp	Ala	Ala	Arg	Pro	Val	Leu	Lys	His	Ala
1				5					10					15	

Tyr Lys Pro Pro Ala Ser Asp Ala Lys Gly Ile Thr Met Ala Leu Thr
 20 25 30

Ile Ile Gly Thr Trp Thr Ala Val Phe Leu His Ala Ile Phe Gln Ile
 35 40 45

Arg Leu Pro Thr Ser Met Asp Gln Leu His Trp Leu Pro Val Ser Glu
 50 55 60

Ala Thr Ala Gln Leu Leu Gly Gly Ser Ser Ser Leu Leu His Ile Ala
 65 70 75 80

Ala Val Phe Ile Val Leu Glu Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr
 85 90 95

Thr His Asp Ala Met His Gly Thr Ile Ala Leu Arg Asn Arg Gln Leu
 100 105 110

Asn Asp Leu Leu Gly Asn Ile Cys Ile Ser Leu Tyr Ala Trp Phe Asp
 115 120 125

Tyr Ser Met His Trp Glu His His Asn His Thr Gly Glu Val Gly Lys
 130 135 140

Asp Pro Asp Phe His Lys Gly Asn Pro Gly Leu Val Pro Trp Phe Ala
 145 150 155 160

Ser Phe Met Ser Ser Tyr Met Ser Leu Trp Gln Phe Ala Arg Leu Ala
 165 170 175

Trp Trp Ala Val Val Met Gln Thr Leu Gly Ala Pro Met Ala Asn Leu
 180 185 190

Leu Val Phe Met Ala Ala Ala Pro Ile Leu Ser Ala Phe Arg Leu Phe
 195 200 205

Tyr Phe Gly Thr Tyr Leu Pro His Lys Pro Glu Pro Gly Pro Ala Ala
 210 215 220

Gly Ser Gln Val Met Ser Trp Phe Arg Ala Lys Thr Ser Glu Ala Ser
 225 230 235 240

Asp Val Met Ser Phe Leu Thr Cys Tyr His Phe Asp Leu Phe Ala Pro
 245 250 255

Trp Trp Gln Leu Pro His Cys Arg Arg Leu Ser Gly Arg Gly Leu Val
 260 265 270

Pro Ala Leu Ala
 275

<210> 33

<211> 729

<212> DNA

<213> Paracoccus sp. MBIC1143

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(729)

<223>

<400> 33

atg agc gca cat gcc ctg ccc aag gca gat ctg acc gcc acc agc ctg 48
 Met Ser Ala His Ala Leu Pro Lys Ala Asp Leu Thr Ala Thr Ser Leu
 1 5 10 15

atc gtc tcg ggc ggc atc atc gcc gct tgg ctg gcc ctg cat gtg cat 96
 Ile Val Ser Gly Gly Ile Ile Ala Ala Trp Leu Ala Leu His Val His
 20 25 30

gcg ctg tgg ttt ctg gac gca gcg gcg cat ccc atc ctg gcg atc gca 144
 Ala Leu Trp Phe Leu Asp Ala Ala Ala His Pro Ile Leu Ala Ile Ala
 35 40 45

aat ttc ctg ggg ctg acc tgg ctg tcg gtc gga ttg ttc atc atc gcg 192
 Asn Phe Leu Gly Leu Thr Trp Leu Ser Val Gly Leu Phe Ile Ile Ala
 50 55 60

cat gac gcg atg cac ggg tcg gtg gtg ccg ggg cgt ccg cgc gcc aat 240
 His Asp Ala Met His Gly Ser Val Val Pro Gly Arg Pro Arg Ala Asn
 65 70 75 80

gcg gcg atg ggc cag ctt gtc ctg tgg ctg tat gcc gga ttt tcg tgg 288
 Ala Ala Met Gly Gln Leu Val Leu Trp Leu Tyr Ala Gly Phe Ser Trp
 85 90 95

cgc aag atg atc gtc aag cac atg gcc cat cac cgc cat gcc gga acc 336
 Arg Lys Met Ile Val Lys His Met Ala His His Arg His Ala Gly Thr
 100 105 110

gac gac gac ccc gat ttc gac cat ggc ggc ccg gtc cgc tgg tac gcc 384
 Asp Asp Asp Pro Asp Phe Asp His Gly Gly Pro Val Arg Trp Tyr Ala
 115 120 125

cgc ttc atc ggc acc tat ttc ggc tgg cgc gag ggg ctg ctg ctg ccc 432
 Arg Phe Ile Gly Thr Tyr Phe Gly Trp Arg Glu Gly Leu Leu Leu Pro
 130 135 140

gtc atc gtg acg gtc tat gcg ctg atc ctt ggg gat cgc tgg atg tac 480
 Val Ile Val Thr Val Tyr Ala Leu Ile Leu Gly Asp Arg Trp Met Tyr
 145 150 155 160

gtg gtc ttc tgg ccg ctg ccg tcg atc ctg gcg tcg atc cag ctg ttc 528
 Val Val Phe Trp Pro Leu Pro Ser Ile Leu Ala Ser Ile Gln Leu Phe
 165 170 175

gtg ttc ggc acc tgg ctg ccg cac cgc ccc ggc cac gac gcg ttc ccg 576
 Val Phe Gly Thr Trp Leu Pro His Arg Pro Gly His Asp Ala Phe Pro
 180 185 190

gac cgc cac aat gcg ccg tcg tcg ccg atc agc gac ccc gtg tcg ctg 624
 Asp Arg His Asn Ala Arg Ser Ser Arg Ile Ser Asp Pro Val Ser Leu
 195 200 205

ctg acc tgc ttt cac ttt ggc ggt tat cat cac gaa cac cac ctg cac 672
 Leu Thr Cys Phe His Phe Gly Gly Tyr His His Glu His His Leu His
 210 215 220

ccg acg gtg ccg tgg tgg cgc ctg ccc agc acc cgc acc aag ggg gac 720
 Pro Thr Val Pro Trp Trp Arg Leu Pro Ser Thr Arg Thr Lys Gly Asp
 225 230 235 240

acc gca tga 729
 Thr Ala

<210> 34

<211> 242

<212> PRT

<213> Paracoccus sp. MBIC1143

<400> 34

Met Ser Ala His Ala Leu Pro Lys Ala Asp Leu Thr Ala Thr Ser Leu
 1 5 10 15

Ile Val Ser Gly Gly Ile Ile Ala Ala Trp Leu Ala Leu His Val His
20 25 30

Ala Leu Trp Phe Leu Asp Ala Ala Ala His Pro Ile Leu Ala Ile Ala
35 40 45

Asn Phe Leu Gly Leu Thr Trp Leu Ser Val Gly Leu Phe Ile Ile Ala
50 55 60

His Asp Ala Met His Gly Ser Val Val Pro Gly Arg Pro Arg Ala Asn
65 70 75 80

Ala Ala Met Gly Gln Leu Val Leu Trp Leu Tyr Ala Gly Phe Ser Trp
85 90 95

Arg Lys Met Ile Val Lys His Met Ala His His Arg His Ala Gly Thr
100 105 110

Asp Asp Asp Pro Asp Phe Asp His Gly Gly Pro Val Arg Trp Tyr Ala
115 120 125

Arg Phe Ile Gly Thr Tyr Phe Gly Trp Arg Glu Gly Leu Leu Leu Pro
130 135 140

Val Ile Val Thr Val Tyr Ala Leu Ile Leu Gly Asp Arg Trp Met Tyr
145 150 155 160

Val Val Phe Trp Pro Leu Pro Ser Ile Leu Ala Ser Ile Gln Leu Phe
165 170 175

Val Phe Gly Thr Trp Leu Pro His Arg Pro Gly His Asp Ala Phe Pro
180 185 190

Asp Arg His Asn Ala Arg Ser Ser Arg Ile Ser Asp Pro Val Ser Leu
195 200 205

Leu Thr Cys Phe His Phe Gly Gly Tyr His His Glu His His Leu His
210 215 220

Pro Thr Val Pro Trp Trp Arg Leu Pro Ser Thr Arg Thr Lys Gly Asp
225 230 235 240

Thr Ala

<210> 35

<211> 735

<212> DNA

<213> Brevundimonas aurantiaca

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (735)

<223>

<400> 35

atg acc gcc gcc gtc gcc gag cca cgc acc gtc ccg cgc cag acc tgg	48
Met Thr Ala Ala Val Ala Glu Pro Arg Thr Val Pro Arg Gln Thr Trp	
1 5 10 15	

atc ggt ctg acc ctg gcg gga atg atc gtg gcg gga tgg gcg gtt ctg	96
Ile Gly Leu Thr Leu Ala Gly Met Ile Val Ala Gly Trp Ala Val Leu	
20 25 30	

cat gtc tac gcc gtc tat ttt cac cga tgg ggg ccg ttg acc ctg gtg	144
His Val Tyr Gly Val Tyr Phe His Arg Trp Gly Pro Leu Thr Leu Val	
35 40 45	

atc gcc ccg gcg atc gtg gcg gtc cag acc tgg ttg tgg gtc gcc ctt	192
Ile Ala Pro Ala Ile Val Ala Val Gln Thr Trp Leu Ser Val Gly Leu	
50 55 60	

ttc atc gtc gcc cat gac gcc atg tac gcc tcc ctg gcg ccg gga cgg	240
Phe Ile Val Ala His Asp Ala Met Tyr Gly Ser Leu Ala Pro Gly Arg	
65 70 75 80	

ccg cgg ctg aac gcc gca gtc gcc cgg ctg acc ctg ggg ctc tat gcg	288
Pro Arg Leu Asn Ala Ala Val Gly Arg Leu Thr Leu Gly Leu Tyr Ala	
85 90 95	

ggc ttc cgc ttc gat cgg ctg aag acg gcg cac cac gcc cac cac gcc	336
Gly Phe Arg Phe Asp Arg Leu Lys Thr Ala His His Ala His His Ala	
100 105 110	

gcg ccc gcc acg gcc gac gac ccg gat ttt cac gcc ccg gcg ccc cgc	384
---	-----

Ala	Pro	Gly	Thr	Ala	Asp	Asp	Pro	Asp	Phe	His	Ala	Pro	Ala	Pro	Arg	
		115					120					125				
gcc	ttc	ctt	ccc	tgg	ttc	ctg	aac	ttc	ttt	cgc	acc	tat	ttc	ggc	tgg	432
Ala	Phe	Leu	Pro	Trp	Phe	Leu	Asn	Phe	Phe	Arg	Thr	Tyr	Phe	Gly	Trp	
		130				135					140					
cgc	gag	atg	gcg	gtc	ctg	acc	gcc	ctg	gtc	ctg	atc	gcc	ctc	ttc	ggc	480
Arg	Glu	Met	Ala	Val	Leu	Thr	Ala	Leu	Val	Leu	Ile	Ala	Leu	Phe	Gly	
145					150					155				160		
ctg	ggg	gcg	cgg	ccg	gcc	aat	ctc	ctg	acc	ttc	tgg	gcc	gcg	ccg	gcc	528
Leu	Gly	Ala	Arg	Pro	Ala	Asn	Leu	Leu	Thr	Phe	Trp	Ala	Ala	Pro	Ala	
				165					170					175		
ctg	ctt	tca	gcg	ctt	cag	ctc	ttc	acc	ttc	ggc	acc	tgg	ctg	ccg	cac	576
Leu	Leu	Ser	Ala	Leu	Gln	Leu	Phe	Thr	Phe	Gly	Thr	Trp	Leu	Pro	His	
			180				185						190			
cgc	cac	acc	gac	cag	ccg	ttc	gcc	gac	gcg	cac	cac	gcc	cgc	agc	agc	624
Arg	His	Thr	Asp	Gln	Pro	Phe	Ala	Asp	Ala	His	His	Ala	Arg	Ser	Ser	
		195				200						205				
ggc	tac	ggc	ccc	gtg	ctt	tcc	ctg	ctc	acc	tgt	ttc	cac	ttc	ggc	cgc	672
Gly	Tyr	Gly	Pro	Val	Leu	Ser	Leu	Leu	Thr	Cys	Phe	His	Phe	Gly	Arg	
	210				215					220						
cac	cac	gaa	cac	cat	ctg	agc	ccc	tgg	cgg	ccc	tgg	tgg	cgt	ctg	tgg	720
His	His	Glu	His	His	Leu	Ser	Pro	Trp	Arg	Pro	Trp	Trp	Arg	Leu	Trp	
225					230				235					240		
cgc	ggc	gag	tct	tga												735
Arg	Gly	Glu	Ser													

<210> 36

<211> 244

<212> PRT

<213> Brevundimonas aurantiaca

<400> 36

Met	Thr	Ala	Ala	Val	Ala	Glu	Pro	Arg	Thr	Val	Pro	Arg	Gln	Thr	Trp
1				5					10					15	

Ile	Gly	Leu	Thr	Leu	Ala	Gly	Met	Ile	Val	Ala	Gly	Trp	Ala	Val	Leu
		20					25					30			

His Val Tyr Gly Val Tyr Phe His Arg Trp Gly Pro Leu Thr Leu Val
 35 40 45

Ile Ala Pro Ala Ile Val Ala Val Gln Thr Trp Leu Ser Val Gly Leu
 50 55 60

Phe Ile Val Ala His Asp Ala Met Tyr Gly Ser Leu Ala Pro Gly Arg
 65 70 75 80

Pro Arg Leu Asn Ala Ala Val Gly Arg Leu Thr Leu Gly Leu Tyr Ala
 85 90 95

Gly Phe Arg Phe Asp Arg Leu Lys Thr Ala His His Ala His His Ala
 100 105 110

Ala Pro Gly Thr Ala Asp Asp Pro Asp Phe His Ala Pro Ala Pro Arg
 115 120 125

Ala Phe Leu Pro Trp Phe Leu Asn Phe Phe Arg Thr Tyr Phe Gly Trp
 130 135 140

Arg Glu Met Ala Val Leu Thr Ala Leu Val Leu Ile Ala Leu Phe Gly
 145 150 155 160

Leu Gly Ala Arg Pro Ala Asn Leu Leu Thr Phe Trp Ala Ala Pro Ala
 165 170 175

Leu Leu Ser Ala Leu Gln Leu Phe Thr Phe Gly Thr Trp Leu Pro His
 180 185 190

Arg His Thr Asp Gln Pro Phe Ala Asp Ala His His Ala Arg Ser Ser
 195 200 205

Gly Tyr Gly Pro Val Leu Ser Leu Leu Thr Cys Phe His Phe Gly Arg
 210 215 220

His His Glu His His Leu Ser Pro Trp Arg Pro Trp Trp Arg Leu Trp
 225 230 235 240

Arg Gly Glu Ser

<210> 37

<211> 690

<212> DNA

<213> Nodularia spumigena NSOR10

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(690)

<223>

<400> 37

atg gcg atc gcc att att agt ata tgg gct atc agc cta ggt ttg tta	48
Met Ala Ile Ala Ile Ile Ser Ile Trp Ala Ile Ser Leu Gly Leu Leu	
1 5 10 15	
ctt tat att gat ata tcc caa ttc aag ttt tgg atg ttg tta ccg ctc	96
Leu Tyr Ile Asp Ile Ser Gln Phe Lys Phe Trp Met Leu Leu Pro Leu	
20 25 30	
ata ttt tgg caa aca ttt tta tat acg gga tta ttt att aca gct cat	144
Ile Phe Trp Gln Thr Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ala His	
35 40 45	
gat gcc atg cat ggg gta gtt ttt ccc aaa aat ccc aaa atc aac cat	192
Asp Ala Met His Gly Val Val Phe Pro Lys Asn Pro Lys Ile Asn His	
50 55 60	
ttc att ggc tca ttg tgc ctg ttt ctt tat ggt ctt tta cct tat caa	240
Phe Ile Gly Ser Leu Cys Leu Phe Leu Tyr Gly Leu Leu Pro Tyr Gln	
65 70 75 80	
aaa ctt tta aaa aag cat tgg cta cat cac cat aat cca gcc agt gaa	288
Lys Leu Leu Lys Lys His Trp Leu His His His Asn Pro Ala Ser Glu	
85 90 95	
aca gat cca gat ttt cac aac ggg aag cag aaa aac ttt ttt gct tgg	336
Thr Asp Pro Asp Phe His Asn Gly Lys Gln Lys Asn Phe Phe Ala Trp	
100 105 110	
tat tta tat ttt atg aag cgt tac tgg agt tgg tta caa att atc aca	384
Tyr Leu Tyr Phe Met Lys Arg Tyr Trp Ser Trp Leu Gln Ile Ile Thr	
115 120 125	
tta atg att att tat aac tta cta aaa tat ata tgg cat ttt cca gag	432
Leu Met Ile Ile Tyr Asn Leu Leu Lys Tyr Ile Trp His Phe Pro Glu	
130 135 140	

gat aat atg act tat ttt tgg gta gtt ccc tca att tta agt tct tta 480
 Asp Asn Met Thr Tyr Phe Trp Val Val Pro Ser Ile Leu Ser Ser Leu
 145 150 155 160

caa tta ttt tat ttt gga act ttt cta ccc cac agt gag cct gta gaa 528
 Gln Leu Phe Tyr Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Ser Glu Pro Val Glu
 165 170 175

ggg tat aaa gag cct cat cgt tcc caa act att agc cgt ccc att tgg 576
 Gly Tyr Lys Glu Pro His Arg Ser Gln Thr Ile Ser Arg Pro Ile Trp
 180 185 190

tgg tca ttt ata act tgt tac cat ttt ggt tat cat tac gaa cat cat 624
 Trp Ser Phe Ile Thr Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Tyr Glu His His
 195 200 205

gaa tac ccc cat gtt cct tgg tgg caa tta cca gaa att tat aaa atg 672
 Glu Tyr Pro His Val Pro Trp Trp Gln Leu Pro Glu Ile Tyr Lys Met
 210 215 220

tct aaa tca aat ttg tga 690
 Ser Lys Ser Asn Leu
 225

<210> 38

<211> 229

<212> PRT

<213> Nodularia spumigena NSOR10

<400> 38

Met Ala Ile Ala Ile Ile Ser Ile Trp Ala Ile Ser Leu Gly Leu Leu
 1 5 10 15

Leu Tyr Ile Asp Ile Ser Gln Phe Lys Phe Trp Met Leu Leu Pro Leu
 20 25 30

Ile Phe Trp Gln Thr Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ala His
 35 40 45

Asp Ala Met His Gly Val Val Phe Pro Lys Asn Pro Lys Ile Asn His
 50 55 60

Phe Ile Gly Ser Leu Cys Leu Phe Leu Tyr Gly Leu Leu Pro Tyr Gln
 65 70 75 80

Lys Leu Leu Lys Lys His Trp Leu His His His Asn Pro Ala Ser Glu
85 90 95

Thr Asp Pro Asp Phe His Asn Gly Lys Gln Lys Asn Phe Phe Ala Trp
100 105 110

Tyr Leu Tyr Phe Met Lys Arg Tyr Trp Ser Trp Leu Gln Ile Ile Thr
115 120 125

Leu Met Ile Ile Tyr Asn Leu Leu Lys Tyr Ile Trp His Phe Pro Glu
130 135 140

Asp Asn Met Thr Tyr Phe Trp Val Val Pro Ser Ile Leu Ser Ser Leu
145 150 155 160

Gln Leu Phe Tyr Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Ser Glu Pro Val Glu
165 170 175

Gly Tyr Lys Glu Pro His Arg Ser Gln Thr Ile Ser Arg Pro Ile Trp
180 185 190

Trp Ser Phe Ile Thr Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Tyr Glu His His
195 200 205

Glu Tyr Pro His Val Pro Trp Trp Gln Leu Pro Glu Ile Tyr Lys Met
210 215 220

Ser Lys Ser Asn Leu
225

<210> 39

<211> 789

<212> DNA

<213> Nostoc punctiforme ATCC 29133

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(789)

<223>

<400> 39

ttg	aat	ttt	tgt	gat	aaa	cca	ggt	agc	tat	tat	ggt	gca	ata	gag	caa	48
Leu	Asn	Phe	Cys	Asp	Lys	Pro	Val	Ser	Tyr	Tyr	Val	Ala	Ile	Glu	Gln	
1				5				10					15			

tta	agt	gct	aaa	gaa	gat	act	ggt	tgg	ggg	ctg	gtg	att	gtc	ata	gta	96
Leu	Ser	Ala	Lys	Glu	Asp	Thr	Val	Trp	Gly	Leu	Val	Ile	Val	Ile	Val	
		20						25				30				

att	att	agt	ctt	tgg	gta	gct	agt	ttg	gct	ttt	tta	cta	gct	att	aat	144
Ile	Ile	Ser	Leu	Trp	Val	Ala	Ser	Leu	Ala	Phe	Leu	Leu	Ala	Ile	Asn	
		35				40						45				

tat	gcc	aaa	gtc	cca	att	tgg	ttg	ata	cct	att	gca	ata	ggt	tgg	caa	192
Tyr	Ala	Lys	Val	Pro	Ile	Trp	Leu	Ile	Pro	Ile	Ala	Ile	Val	Trp	Gln	
	50					55					60					

atg	ttc	ctt	tat	aca	ggg	cta	ttt	att	act	gca	cat	gat	gct	atg	cat	240
Met	Phe	Leu	Tyr	Thr	Gly	Leu	Phe	Ile	Thr	Ala	His	Asp	Ala	Met	His	
65					70					75				80		

ggg	tca	ggt	tat	cgt	aaa	aat	ccc	aaa	att	aat	aat	ttt	atc	ggt	tca	288
Gly	Ser	Val	Tyr	Arg	Lys	Asn	Pro	Lys	Ile	Asn	Asn	Phe	Ile	Gly	Ser	
				85				90					95			

cta	gct	gta	gcg	ctt	tac	gct	gtg	ttt	cca	tat	caa	cag	atg	tta	aag	336
Leu	Ala	Val	Ala	Leu	Tyr	Ala	Val	Phe	Pro	Tyr	Gln	Gln	Met	Leu	Lys	
		100						105					110			

aat	cat	tgc	tta	cat	cat	cgt	cat	cct	gct	agc	gaa	ggt	gac	cca	gat	384
Asn	His	Cys	Leu	His	His	Arg	His	Pro	Ala	Ser	Glu	Val	Asp	Pro	Asp	
		115					120					125				

ttt	cat	gat	ggt	aag	aga	aca	aac	gct	att	ttc	tgg	tat	ctc	cat	ttc	432
Phe	His	Asp	Gly	Lys	Arg	Thr	Asn	Ala	Ile	Phe	Trp	Tyr	Leu	His	Phe	
	130					135					140					

atg	ata	gaa	tac	tcc	agt	tgg	caa	cag	tta	ata	gta	cta	act	atc	cta	480
Met	Ile	Glu	Tyr	Ser	Ser	Trp	Gln	Gln	Leu	Ile	Val	Leu	Thr	Ile	Leu	
145					150					155				160		

ttt	aat	tta	gct	aaa	tac	ggt	ttg	cac	atc	cat	caa	ata	aat	ctc	atc	528
Phe	Asn	Leu	Ala	Lys	Tyr	Val	Leu	His	Ile	His	Gln	Ile	Asn	Leu	Ile	
			165					170					175			

tta	ttt	tgg	agt	att	cct	cca	att	tta	agt	tcc	att	caa	ctg	ttt	tat	576
Leu	Phe	Trp	Ser	Ile	Pro	Pro	Ile	Leu	Ser	Ser	Ile	Gln	Leu	Phe	Tyr	
			180					185					190			

ttc	gga	aca	ttt	ttg	cct	cat	cga	gaa	ccc	aag	aaa	gga	tat	ggt	tat	624
-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

Phe	Gly	Thr	Phe	Leu	Pro	His	Arg	Glu	Pro	Lys	Lys	Gly	Tyr	Val	Tyr		
		195					200					205					
ccc	cat	tgc	agc	caa	aca	ata	aaa	ttg	cca	act	ttt	ttg	tca	ttt	atc		672
Pro	His	Cys	Ser	Gln	Thr	Ile	Lys	Leu	Pro	Thr	Phe	Leu	Ser	Phe	Ile		
		210				215					220						
gct	tgc	tac	cac	ttt	ggt	tat	cat	gaa	gaa	cat	cat	gag	tat	ccc	cat		720
Ala	Cys	Tyr	His	Phe	Gly	Tyr	His	Glu	Glu	His	His	Glu	Tyr	Pro	His		
		225			230					235				240			
gta	cct	tgg	tgg	caa	ctt	cca	tct	gta	tat	aag	cag	aga	gta	ttc	aac		768
Val	Pro	Trp	Trp	Gln	Leu	Pro	Ser	Val	Tyr	Lys	Gln	Arg	Val	Phe	Asn		
				245					250					255			
aat	tca	gta	acc	aat	tcg	taa											789
Asn	Ser	Val	Thr	Asn	Ser												
				260													

<210> 40

<211> 262

<212> PRT

<213> Nostoc punctiforme ATCC 29133

<400> 40

Leu	Asn	Phe	Cys	Asp	Lys	Pro	Val	Ser	Tyr	Tyr	Val	Ala	Ile	Glu	Gln
1			5					10						15	

Leu	Ser	Ala	Lys	Glu	Asp	Thr	Val	Trp	Gly	Leu	Val	Ile	Val	Ile	Val
		20						25				30			

Ile	Ile	Ser	Leu	Trp	Val	Ala	Ser	Leu	Ala	Phe	Leu	Leu	Ala	Ile	Asn
		35				40					45				

Tyr	Ala	Lys	Val	Pro	Ile	Trp	Leu	Ile	Pro	Ile	Ala	Ile	Val	Trp	Gln
	50					55				60					

Met	Phe	Leu	Tyr	Thr	Gly	Leu	Phe	Ile	Thr	Ala	His	Asp	Ala	Met	His
65					70				75					80	

Gly	Ser	Val	Tyr	Arg	Lys	Asn	Pro	Lys	Ile	Asn	Asn	Phe	Ile	Gly	Ser
				85				90						95	

Leu Ala Val Ala Leu Tyr Ala Val Phe Pro Tyr Gln Gln Met Leu Lys
 100 105 110

Asn His Cys Leu His His Arg His Pro Ala Ser Glu Val Asp Pro Asp
 115 120 125

Phe His Asp Gly Lys Arg Thr Asn Ala Ile Phe Trp Tyr Leu His Phe
 130 135 140

Met Ile Glu Tyr Ser Ser Trp Gln Gln Leu Ile Val Leu Thr Ile Leu
 145 150 155 160

Phe Asn Leu Ala Lys Tyr Val Leu His Ile His Gln Ile Asn Leu Ile
 165 170 175

Leu Phe Trp Ser Ile Pro Pro Ile Leu Ser Ser Ile Gln Leu Phe Tyr
 180 185 190

Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Arg Glu Pro Lys Lys Gly Tyr Val Tyr
 195 200 205

Pro His Cys Ser Gln Thr Ile Lys Leu Pro Thr Phe Leu Ser Phe Ile
 210 215 220

Ala Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Glu Glu His His Glu Tyr Pro His
 225 230 235 240

Val Pro Trp Trp Gln Leu Pro Ser Val Tyr Lys Gln Arg Val Phe Asn
 245 250 255

Asn Ser Val Thr Asn Ser
 260

<210> 41

<211> 762

<212> DNA

<213> Nostoc punctiforme ATCC 29133

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(762)

<223>

<400> 41

```

gtg atc cag tta gaa caa cca ctc agt cat caa gca aaa ctg act cca      48
Val Ile Gln Leu Glu Gln Pro Leu Ser His Gln Ala Lys Leu Thr Pro
1              5              10              15

```

```

gta ctg aga agt aaa tct cag ttt aag ggg ctt ttc att gct att gtc      96
Val Leu Arg Ser Lys Ser Gln Phe Lys Gly Leu Phe Ile Ala Ile Val
              20              25              30

```

```

att gtt agc gca tgg gtc att agc ctg agt tta tta ctt tcc ctt gac      144
Ile Val Ser Ala Trp Val Ile Ser Leu Ser Leu Leu Leu Ser Leu Asp
              35              40              45

```

```

atc tca aag cta aaa ttt tgg atg tta ttg cct gtt ata cta tgg caa      192
Ile Ser Lys Leu Lys Phe Trp Met Leu Leu Pro Val Ile Leu Trp Gln
              50              55              60

```

```

aca ttt tta tat acg gga tta ttt att aca tct cat gat gcc atg cat      240
Thr Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ser His Asp Ala Met His
65              70              75              80

```

```

ggc gta gta ttt ccc caa aac acc aag att aat cat ttg att gga aca      288
Gly Val Val Phe Pro Gln Asn Thr Lys Ile Asn His Leu Ile Gly Thr
              85              90              95

```

```

ttg acc cta tcc ctt tat ggt ctt tta cca tat caa aaa cta ttg aaa      336
Leu Thr Leu Ser Leu Tyr Gly Leu Leu Pro Tyr Gln Lys Leu Leu Lys
              100              105              110

```

```

aaa cat tgg tta cac cac cac aat cca gca agc tca ata gac ccg gat      384
Lys His Trp Leu His His His Asn Pro Ala Ser Ser Ile Asp Pro Asp
              115              120              125

```

```

ttt cac aat ggt aaa cac caa agt ttc ttt gct tgg tat ttt cat ttt      432
Phe His Asn Gly Lys His Gln Ser Phe Phe Ala Trp Tyr Phe His Phe
              130              135              140

```

```

atg aaa ggt tac tgg agt tgg ggg caa ata att gcg ttg act att att      480
Met Lys Gly Tyr Trp Ser Trp Gly Gln Ile Ile Ala Leu Thr Ile Ile
145              150              155              160

```

```

tat aac ttt gct aaa tac ata ctc cat atc cca agt gat aat cta act      528
Tyr Asn Phe Ala Lys Tyr Ile Leu His Ile Pro Ser Asp Asn Leu Thr
              165              170              175

```

```

tac ttt tgg gtg cta ccc tcg ctt tta agt tca tta caa tta ttc tat      576
Tyr Phe Trp Val Leu Pro Ser Leu Leu Ser Ser Leu Gln Leu Phe Tyr
              180              185              190

```

ttt ggt act ttt tta ccc cat agt gaa cca ata ggg ggt tat gtt cag 624
 Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Ser Glu Pro Ile Gly Gly Tyr Val Gln
 195 200 205

cct cat tgt gcc caa aca att agc cgt cct att tgg tgg tca ttt atc 672
 Pro His Cys Ala Gln Thr Ile Ser Arg Pro Ile Trp Trp Ser Phe Ile
 210 215 220

acg tgc tat cat ttt ggc tac cac gag gaa cat cac gaa tat cct cat 720
 Thr Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Glu Glu His His Glu Tyr Pro His
 225 230 235 240

att tct tgg tgg cag tta cca gaa att tac aaa gca aaa tag 762
 Ile Ser Trp Trp Gln Leu Pro Glu Ile Tyr Lys Ala Lys
 245 250

<210> 42

<211> 253

<212> PRT

<213> Nostoc punctiforme ATCC 29133

<400> 42

Val Ile Gln Leu Glu Gln Pro Leu Ser His Gln Ala Lys Leu Thr Pro
 1 5 10 15

Val Leu Arg Ser Lys Ser Gln Phe Lys Gly Leu Phe Ile Ala Ile Val
 20 25 30

Ile Val Ser Ala Trp Val Ile Ser Leu Ser Leu Leu Leu Ser Leu Asp
 35 40 45

Ile Ser Lys Leu Lys Phe Trp Met Leu Leu Pro Val Ile Leu Trp Gln
 50 55 60

Thr Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ser His Asp Ala Met His
 65 70 75 80

Gly Val Val Phe Pro Gln Asn Thr Lys Ile Asn His Leu Ile Gly Thr
 85 90 95

Leu Thr Leu Ser Leu Tyr Gly Leu Leu Pro Tyr Gln Lys Leu Leu Lys
 100 105 110

Lys His Trp Leu His His His Asn Pro Ala Ser Ser Ile Asp Pro Asp
115 120 125

Phe His Asn Gly Lys His Gln Ser Phe Phe Ala Trp Tyr Phe His Phe
130 135 140

Met Lys Gly Tyr Trp Ser Trp Gly Gln Ile Ile Ala Leu Thr Ile Ile
145 150 155 160

Tyr Asn Phe Ala Lys Tyr Ile Leu His Ile Pro Ser Asp Asn Leu Thr
165 170 175

Tyr Phe Trp Val Leu Pro Ser Leu Leu Ser Ser Leu Gln Leu Phe Tyr
180 185 190

Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Ser Glu Pro Ile Gly Gly Tyr Val Gln
195 200 205

Pro His Cys Ala Gln Thr Ile Ser Arg Pro Ile Trp Trp Ser Phe Ile
210 215 220

Thr Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Glu Glu His His Glu Tyr Pro His
225 230 235 240

Ile Ser Trp Trp Gln Leu Pro Glu Ile Tyr Lys Ala Lys
245 250

<210> 43

<211> 1536

<212> DNA

<213> Deinococcus radiodurans R1

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (1536)

<223>

<400> 43

atg ccg gat tac gac ctg atc gtc atg ggc gcg ggc cac aac gcg ctg 48
 Met Pro Asp Tyr Asp Leu Ile Val Met Gly Ala Gly His Asn Ala Leu
 1 5 10 15

gtg act gct gcc tac gcc gcc cgg gcg ggc ctg aaa gtc ggc gtg ttc 96
 Val Thr Ala Ala Tyr Ala Ala Arg Ala Gly Leu Lys Val Gly Val Phe
 20 25 30

gag cgg cgg cac ctc gtc ggc ggg gcg gtc agc acc gag gag gtc gtg 144
 Glu Arg Arg His Leu Val Gly Gly Ala Val Ser Thr Glu Glu Val Val
 35 40 45

ccc ggt tac cgc ttc gac tac ggc ggc agc gcc cac atc ctg att cgg 192
 Pro Gly Tyr Arg Phe Asp Tyr Gly Gly Ser Ala His Ile Leu Ile Arg
 50 55 60

atg acg ccc atc gtg cgc gaa ctc gaa ctc acg cgg cac ggg ctg cat 240
 Met Thr Pro Ile Val Arg Glu Leu Glu Leu Thr Arg His Gly Leu His
 65 70 75 80

tac ctc gaa gtg gac cct atg ttt cac gct tcc gac ggt gaa acg ccc 288
 Tyr Leu Glu Val Asp Pro Met Phe His Ala Ser Asp Gly Glu Thr Pro
 85 90 95

tgg ttc att cac cgc gac gcc ggg cgg acc atc cgc gaa ctg gac gaa 336
 Trp Phe Ile His Arg Asp Ala Gly Arg Thr Ile Arg Glu Leu Asp Glu
 100 105 110

aag ttt ccc ggg cag gcc gac gcc tac ggg cgc ttt ctc gac gat tgg 384
 Lys Phe Pro Gly Gln Gly Asp Ala Tyr Gly Arg Phe Leu Asp Asp Trp
 115 120 125

aca ccc ttc gcg cgc gcc gtg gcc gac ctg ttc aac tcg gcg ccg ggg 432
 Thr Pro Phe Ala Arg Ala Val Ala Asp Leu Phe Asn Ser Ala Pro Gly
 130 135 140

ccg ctc gac ctg ggc aaa atg gtg atg cgc agc ggc cag ggc aag gac 480
 Pro Leu Asp Leu Gly Lys Met Val Met Arg Ser Gly Gln Gly Lys Asp
 145 150 155 160

tgg aac gag cag ctc ccg cgc atc ctg cgg ccc tac ggc gac gtg gcg 528
 Trp Asn Glu Gln Leu Pro Arg Ile Leu Arg Pro Tyr Gly Asp Val Ala
 165 170 175

cgc gag tac ttc agc gag gag cgc gtg cgg gct ccc ctg acc tgg atg 576
 Arg Glu Tyr Phe Ser Glu Glu Arg Val Arg Ala Pro Leu Thr Trp Met
 180 185 190

gcg gcc cag agc ggc ccc cca ccc tcg gac ccg ctg agc gcg ccc ttt 624
 Ala Ala Gln Ser Gly Pro Pro Ser Asp Pro Leu Ser Ala Pro Phe
 195 200 205

ttg ctg tgg cac ccg ctc tac cac gaa ggc ggc gtg gcg cgg ccc aaa 672

Leu	Leu	Trp	His	Pro	Leu	Tyr	His	Glu	Gly	Gly	Val	Ala	Arg	Pro	Lys	
210						215					220					
ggc	ggc	agc	ggc	ggc	ctg	acc	aaa	gcc	ctg	cgc	cgg	gcc	acc	gag	gcc	720
Gly	Gly	Ser	Gly	Gly	Leu	Thr	Lys	Ala	Leu	Arg	Arg	Ala	Thr	Glu	Ala	
225					230					235					240	
gaa	ggc	ggc	gag	gtc	ttc	acc	gac	gcg	ccg	gtc	aag	gaa	att	ctg	gtc	768
Glu	Gly	Gly	Glu	Val	Phe	Thr	Asp	Ala	Pro	Val	Lys	Glu	Ile	Leu	Val	
				245					250					255		
aag	gac	ggc	aag	gcg	cag	ggc	atc	cgg	ctg	gaa	agc	ggc	gag	acg	tac	816
Lys	Asp	Gly	Lys	Ala	Gln	Gly	Ile	Arg	Leu	Glu	Ser	Gly	Glu	Thr	Tyr	
			260					265					270			
acc	gcc	cgc	gcc	gtc	gtg	tcg	ggc	gtc	cac	atc	ctg	acc	act	gcg	aat	864
Thr	Ala	Arg	Ala	Val	Val	Ser	Gly	Val	His	Ile	Leu	Thr	Thr	Ala	Asn	
			275				280					285				
gcc	ctg	ccc	gcc	gaa	tat	gtc	cct	agc	gcc	gcc	agg	aat	gtg	cgc	gtg	912
Ala	Leu	Pro	Ala	Glu	Tyr	Val	Pro	Ser	Ala	Ala	Arg	Asn	Val	Arg	Val	
290						295					300					
ggc	aac	ggc	ttc	ggc	atg	att	ttg	cgc	ctc	gcc	ctc	agt	gaa	aaa	gtc	960
Gly	Asn	Gly	Phe	Gly	Met	Ile	Leu	Arg	Leu	Ala	Leu	Ser	Glu	Lys	Val	
305					310					315					320	
aaa	tac	cgt	cac	cac	acc	gag	ccc	gac	tca	cgc	atc	ggc	ctg	gga	ttg	1008
Lys	Tyr	Arg	His	His	Thr	Glu	Pro	Asp	Ser	Arg	Ile	Gly	Leu	Gly	Leu	
				325					330				335			
ctg	atc	aaa	aac	gag	cgg	caa	atc	atg	cag	ggc	tac	ggc	gaa	tac	ctc	1056
Leu	Ile	Lys	Asn	Glu	Arg	Gln	Ile	Met	Gln	Gly	Tyr	Gly	Glu	Tyr	Leu	
			340					345					350			
gcc	ggg	cag	ccc	acc	acc	gac	ccg	ccc	ctc	gtc	gcc	atg	agc	ttc	agc	1104
Ala	Gly	Gln	Pro	Thr	Thr	Asp	Pro	Pro	Leu	Val	Ala	Met	Ser	Phe	Ser	
			355				360					365				
gcg	gtg	gac	gac	tcg	ctc	gcc	cca	ccg	aac	ggc	gac	gtg	ttg	tgg	ctg	1152
Ala	Val	Asp	Asp	Ser	Leu	Ala	Pro	Pro	Asn	Gly	Asp	Val	Leu	Trp	Leu	
			370			375					380					
tgg	gcg	cag	tac	tac	ccc	ttc	gag	ctc	gcc	acc	ggg	agc	tgg	gaa	acg	1200
Trp	Ala	Gln	Tyr	Tyr	Pro	Phe	Glu	Leu	Ala	Thr	Gly	Ser	Trp	Glu	Thr	
385					390					395					400	
cgc	acc	gcc	gaa	gcg	cgg	gag	aac	atc	ctg	cgg	gcc	ttt	gag	cac	tac	1248
Arg	Thr	Ala	Glu	Ala	Arg	Glu	Asn	Ile	Leu	Arg	Ala	Phe	Glu	His	Tyr	
				405					410				415			
gcg	ccg	ggc	acc	cgc	gac	acg	att	gtg	ggc	gaa	ctc	gtg	cag	acg	ccg	1296
Ala	Pro	Gly	Thr	Arg	Asp	Thr	Ile	Val	Gly	Glu	Leu	Val	Gln	Thr	Pro	
			420					425					430			
cag	tgg	ctg	gaa	acc	aac	ctc	ggc	ctg	cac	cgg	ggc	aac	gtg	atg	cac	1344

Gln Trp Leu Glu Thr Asn Leu Gly Leu His Arg Gly Asn Val Met His
 435 440 445

ctg gaa atg tcc ttc gac cag atg ttc tcc ttc cgc ccc tgg ctg aaa 1392
 Leu Glu Met Ser Phe Asp Gln Met Phe Ser Phe Arg Pro Trp Leu Lys
 450 455 460

gcg agc cag tac cgc tgg ccg ggc gtg cag ggg ctg tac ctc acc ggc 1440
 Ala Ser Gln Tyr Arg Trp Pro Gly Val Gln Gly Leu Tyr Leu Thr Gly
 465 470 475 480

gcc agc acc cac ccc ggc gga ggc atc atg ggc gcc tcg gga cgc aac 1488
 Ala Ser Thr His Pro Gly Gly Gly Ile Met Gly Ala Ser Gly Arg Asn
 485 490 495

gcg gcg cgg gtc atc gtg aag gac ctg acg cgg agg cgc tgg aaa tga 1536
 Ala Ala Arg Val Ile Val Lys Asp Leu Thr Arg Arg Arg Trp Lys
 500 505 510

<210> 44

<211> 511

<212> PRT

<213> Deinococcus radiodurans R1

<400> 44

Met Pro Asp Tyr Asp Leu Ile Val Met Gly Ala Gly His Asn Ala Leu
 1 5 10 15

Val Thr Ala Ala Tyr Ala Ala Arg Ala Gly Leu Lys Val Gly Val Phe
 20 25 30

Glu Arg Arg His Leu Val Gly Gly Ala Val Ser Thr Glu Glu Val Val
 35 40 45

Pro Gly Tyr Arg Phe Asp Tyr Gly Gly Ser Ala His Ile Leu Ile Arg
 50 55 60

Met Thr Pro Ile Val Arg Glu Leu Glu Leu Thr Arg His Gly Leu His
 65 70 75 80

Tyr Leu Glu Val Asp Pro Met Phe His Ala Ser Asp Gly Glu Thr Pro
 85 90 95

Trp Phe Ile His Arg Asp Ala Gly Arg Thr Ile Arg Glu Leu Asp Glu
100 105 110

Lys Phe Pro Gly Gln Gly Asp Ala Tyr Gly Arg Phe Leu Asp Asp Trp
115 120 125

Thr Pro Phe Ala Arg Ala Val Ala Asp Leu Phe Asn Ser Ala Pro Gly
130 135 140

Pro Leu Asp Leu Gly Lys Met Val Met Arg Ser Gly Gln Gly Lys Asp
145 150 155 160

Trp Asn Glu Gln Leu Pro Arg Ile Leu Arg Pro Tyr Gly Asp Val Ala
165 170 175

Arg Glu Tyr Phe Ser Glu Glu Arg Val Arg Ala Pro Leu Thr Trp Met
180 185 190

Ala Ala Gln Ser Gly Pro Pro Pro Ser Asp Pro Leu Ser Ala Pro Phe
195 200 205

Leu Leu Trp His Pro Leu Tyr His Glu Gly Gly Val Ala Arg Pro Lys
210 215 220

Gly Gly Ser Gly Gly Leu Thr Lys Ala Leu Arg Arg Ala Thr Glu Ala
225 230 235 240

Glu Gly Gly Glu Val Phe Thr Asp Ala Pro Val Lys Glu Ile Leu Val
245 250 255

Lys Asp Gly Lys Ala Gln Gly Ile Arg Leu Glu Ser Gly Glu Thr Tyr
260 265 270

Thr Ala Arg Ala Val Val Ser Gly Val His Ile Leu Thr Thr Ala Asn
275 280 285

Ala Leu Pro Ala Glu Tyr Val Pro Ser Ala Ala Arg Asn Val Arg Val
290 295 300

Gly Asn Gly Phe Gly Met Ile Leu Arg Leu Ala Leu Ser Glu Lys Val
305 310 315 320

Lys Tyr Arg His His Thr Glu Pro Asp Ser Arg Ile Gly Leu Gly Leu
325 330 335

Leu Ile Lys Asn Glu Arg Gln Ile Met Gln Gly Tyr Gly Glu Tyr Leu
340 345 350

Ala Gly Gln Pro Thr Thr Asp Pro Pro Leu Val Ala Met Ser Phe Ser
355 360 365

Ala Val Asp Asp Ser Leu Ala Pro Pro Asn Gly Asp Val Leu Trp Leu
370 375 380

Trp Ala Gln Tyr Tyr Pro Phe Glu Leu Ala Thr Gly Ser Trp Glu Thr
385 390 395 400

Arg Thr Ala Glu Ala Arg Glu Asn Ile Leu Arg Ala Phe Glu His Tyr
405 410 415

Ala Pro Gly Thr Arg Asp Thr Ile Val Gly Glu Leu Val Gln Thr Pro
420 425 430

Gln Trp Leu Glu Thr Asn Leu Gly Leu His Arg Gly Asn Val Met His
435 440 445

Leu Glu Met Ser Phe Asp Gln Met Phe Ser Phe Arg Pro Trp Leu Lys
450 455 460

Ala Ser Gln Tyr Arg Trp Pro Gly Val Gln Gly Leu Tyr Leu Thr Gly
465 470 475 480

Ala Ser Thr His Pro Gly Gly Gly Ile Met Gly Ala Ser Gly Arg Asn
485 490 495

Ala Ala Arg Val Ile Val Lys Asp Leu Thr Arg Arg Arg Trp Lys
500 505 510

<210> 45

<211> 1650

<212> DNA

<213> Lycopersicon esculentum

<220>

<221> CDS

<222> (112)..(1614)

<223>

<400> 45

ggcacgagga aactttttctc tcttcactag ctgtttacat gcttgaaatt tcaagatttt 60

aggaccccat ttgaagtttt cttgaaacaa atattaccct gttggaaaaa g atg gat 117
Met Asp
1act ttg ttg aaa acc cca aat aac ctt gaa ttt ctg aac cca cat cat 165
Thr Leu Leu Lys Thr Pro Asn Asn Leu Glu Phe Leu Asn Pro His His
5 10 15ggg ttt gct gtt aaa gct agt acc ttt aga tct gag aag cat cat aat 213
Gly Phe Ala Val Lys Ala Ser Thr Phe Arg Ser Glu Lys His His Asn
20 25 30ttt ggt tct agg aag ttt tgt gaa act ttg ggt aga agt gtt tgt gtt 261
Phe Gly Ser Arg Lys Phe Cys Glu Thr Leu Gly Arg Ser Val Cys Val
35 40 45 50aag ggt agt agt agt gct ctt tta gag ctt gta cct gag acc aaa aag 309
Lys Gly Ser Ser Ser Ala Leu Leu Glu Leu Val Pro Glu Thr Lys Lys
55 60 65gag aat ctt gat ttt gag ctt cct atg tat gac cct tca aaa ggg gtt 357
Glu Asn Leu Asp Phe Glu Leu Pro Met Tyr Asp Pro Ser Lys Gly Val
70 75 80gtt gtg gat ctt gct gtg gtt ggt ggt ggc cct gca gga ctt gct gtt 405
Val Val Asp Leu Ala Val Val Gly Gly Gly Pro Ala Gly Leu Ala Val
85 90 95gca cag caa gtt tct gaa gca gga ctc tct gtt tgt tca att gat ccg 453
Ala Gln Gln Val Ser Glu Ala Gly Leu Ser Val Cys Ser Ile Asp Pro
100 105 110aat cct aaa ttg ata tgg cct aat aac tat ggt gtt tgg gtg gat gaa 501
Asn Pro Lys Leu Ile Trp Pro Asn Asn Tyr Gly Val Trp Val Asp Glu
115 120 125 130ttt gag gct atg gac ttg tta gat tgt cta gat gct acc tgg tct ggt 549
Phe Glu Ala Met Asp Leu Leu Asp Cys Leu Asp Ala Thr Trp Ser Gly
135 140 145

gca gca gtg tac att gat gat aat acg gct aaa gat ctt cat aga cct 597

Ala Ala Val Tyr Ile Asp Asp Asn Thr Ala Lys Asp Leu His Arg Pro	
150	155 160
tat gga agg gtt aac cgg aaa cag ctg aaa tcg aaa atg atg cag aaa	645
Tyr Gly Arg Val Asn Arg Lys Gln Leu Lys Ser Lys Met Met Gln Lys	
165	170 175
tgt ata atg aat ggt gtt aaa ttc cac caa gcc aaa gtt ata aag gtg	693
Cys Ile Met Asn Gly Val Lys Phe His Gln Ala Lys Val Ile Lys Val	
180	185 190
att cat gag gaa tcg aaa tcc atg ttg ata tgc aat gat ggt att act	741
Ile His Glu Glu Ser Lys Ser Met Leu Ile Cys Asn Asp Gly Ile Thr	
195	200 205 210
att cag gca acg gtg gtg ctc gat gca act ggc ttc tct aga tct ctt	789
Ile Gln Ala Thr Val Val Leu Asp Ala Thr Gly Phe Ser Arg Ser Leu	
215	220 225
gtt cag tat gat aag cct tat aac ccc ggg tat caa gtt gct tat ggc	837
Val Gln Tyr Asp Lys Pro Tyr Asn Pro Gly Tyr Gln Val Ala Tyr Gly	
230	235 240
att ttg gct gaa gtg gaa gag cac ccc ttt gat gta aac aag atg gtt	885
Ile Leu Ala Glu Val Glu Glu His Pro Phe Asp Val Asn Lys Met Val	
245	250 255
ttc atg gat tgg cga gat tct cat ttg aag aac aat act gat ctc aag	933
Phe Met Asp Trp Arg Asp Ser His Leu Lys Asn Asn Thr Asp Leu Lys	
260	265 270
gag aga aat agt aga ata cca act ttt ctt tat gca atg cca ttt tca	981
Glu Arg Asn Ser Arg Ile Pro Thr Phe Leu Tyr Ala Met Pro Phe Ser	
275	280 285 290
tcc aac agg ata ttt ctt gaa gaa aca tca ctc gta gct cgt cct ggc	1029
Ser Asn Arg Ile Phe Leu Glu Glu Thr Ser Leu Val Ala Arg Pro Gly	
295	300 305
ttg cgt ata gat gat att caa gaa cga atg gtg gct cgt tta aac cat	1077
Leu Arg Ile Asp Asp Ile Gln Glu Arg Met Val Ala Arg Leu Asn His	
310	315 320
ttg ggg ata aaa gtg aag agc att gaa gaa gat gaa cat tgt cta ata	1125
Leu Gly Ile Lys Val Lys Ser Ile Glu Glu Asp Glu His Cys Leu Ile	
325	330 335
cca atg ggt ggt cca ctt cca gta tta cct cag aga gtc gtt gga atc	1173
Pro Met Gly Gly Pro Leu Pro Val Leu Pro Gln Arg Val Val Gly Ile	
340	345 350
ggg ggt aca gct ggc atg gtt cat cca tcc acc ggt tat atg gtg gca	1221
Gly Gly Thr Ala Gly Met Val His Pro Ser Thr Gly Tyr Met Val Ala	
355	360 365 370
agg aca cta gct gcg gct cct gtt gtt gcc aat gcc ata att caa tac	1269

73

Arg Thr Leu Ala Ala Ala Pro Val Val Ala Asn Ala Ile Ile Gln Tyr
 375 380 385

ctc ggt tct gaa aga agt cat tcg ggt aat gaa tta tcc aca gct gtt 1317
 Leu Gly Ser Glu Arg Ser His Ser Gly Asn Glu Leu Ser Thr Ala Val
 390 395 400

tgg aaa gat ttg tgg cct ata gag agg aga cgt caa aga gag ttc ttc 1365
 Trp Lys Asp Leu Trp Pro Ile Glu Arg Arg Arg Gln Arg Glu Phe Phe
 405 410 415

tgc ttc ggt atg gat att ctt ctg aag ctt gat tta cct gct aca aga 1413
 Cys Phe Gly Met Asp Ile Leu Leu Lys Leu Asp Leu Pro Ala Thr Arg
 420 425 430

agg ttc ttt gat gca ttc ttt gac tta gaa cct cgt tat tgg cat ggc 1461
 Arg Phe Phe Asp Ala Phe Phe Asp Leu Glu Pro Arg Tyr Trp His Gly
 435 440 445 450

ttc tta tcg tct cga ttg ttt cta cct gaa ctg ata gtt ttt ggg ctg 1509
 Phe Leu Ser Ser Arg Leu Phe Leu Pro Glu Leu Ile Val Phe Gly Leu
 455 460 465

tct cta ttc tct cat gct tca aat act tct aga ttt gag ata atg aca 1557
 Ser Leu Phe Ser His Ala Ser Asn Thr Ser Arg Phe Glu Ile Met Thr
 470 475 480

aag gga act gtt cca tta gta aat atg atc aac aat ttg tta cag gat 1605
 Lys Gly Thr Val Pro Leu Val Asn Met Ile Asn Asn Leu Leu Gln Asp
 485 490 495

aaa gaa tga atccgagtaa ttcggaatct tgtccaatct cgtgcc 1650
 Lys Glu
 500

<210> 46

<211> 500

<212> PRT

<213> Lycopersicon esculentum

<400> 46

Met Asp Thr Leu Leu Lys Thr Pro Asn Asn Leu Glu Phe Leu Asn Pro
 1 5 10 15

His His Gly Phe Ala Val Lys Ala Ser Thr Phe Arg Ser Glu Lys His
 20 25 30

His Asn Phe Gly Ser Arg Lys Phe Cys Glu Thr Leu Gly Arg Ser Val
 35 40 45

Cys Val Lys Gly Ser Ser Ser Ala Leu Leu Glu Leu Val Pro Glu Thr
 50 55 60

Lys Lys Glu Asn Leu Asp Phe Glu Leu Pro Met Tyr Asp Pro Ser Lys
 65 70 75 80

Gly Val Val Val Asp Leu Ala Val Val Gly Gly Gly Pro Ala Gly Leu
 85 90 95

Ala Val Ala Gln Gln Val Ser Glu Ala Gly Leu Ser Val Cys Ser Ile
 100 105 110

Asp Pro Asn Pro Lys Leu Ile Trp Pro Asn Asn Tyr Gly Val Trp Val
 115 120 125

Asp Glu Phe Glu Ala Met Asp Leu Leu Asp Cys Leu Asp Ala Thr Trp
 130 135 140

Ser Gly Ala Ala Val Tyr Ile Asp Asp Asn Thr Ala Lys Asp Leu His
 145 150 155 160

Arg Pro Tyr Gly Arg Val Asn Arg Lys Gln Leu Lys Ser Lys Met Met
 165 170 175

Gln Lys Cys Ile Met Asn Gly Val Lys Phe His Gln Ala Lys Val Ile
 180 185 190

Lys Val Ile His Glu Glu Ser Lys Ser Met Leu Ile Cys Asn Asp Gly
 195 200 205

Ile Thr Ile Gln Ala Thr Val Val Leu Asp Ala Thr Gly Phe Ser Arg
 210 215 220

Ser Leu Val Gln Tyr Asp Lys Pro Tyr Asn Pro Gly Tyr Gln Val Ala
 225 230 235 240

Tyr Gly Ile Leu Ala Glu Val Glu Glu His Pro Phe Asp Val Asn Lys
 245 250 255

75

Met Val Phe Met Asp Trp Arg Asp Ser His Leu Lys Asn Asn Thr Asp
 260 265 270

Leu Lys Glu Arg Asn Ser Arg Ile Pro Thr Phe Leu Tyr Ala Met Pro
 275 280 285

Phe Ser Ser Asn Arg Ile Phe Leu Glu Glu Thr Ser Leu Val Ala Arg
 290 295 300

Pro Gly Leu Arg Ile Asp Asp Ile Gln Glu Arg Met Val Ala Arg Leu
 305 310 315 320

Asn His Leu Gly Ile Lys Val Lys Ser Ile Glu Glu Asp Glu His Cys
 325 330 335

Leu Ile Pro Met Gly Gly Pro Leu Pro Val Leu Pro Gln Arg Val Val
 340 345 350

Gly Ile Gly Gly Thr Ala Gly Met Val His Pro Ser Thr Gly Tyr Met
 355 360 365

Val Ala Arg Thr Leu Ala Ala Ala Pro Val Val Ala Asn Ala Ile Ile
 370 375 380

Gln Tyr Leu Gly Ser Glu Arg Ser His Ser Gly Asn Glu Leu Ser Thr
 385 390 395 400

Ala Val Trp Lys Asp Leu Trp Pro Ile Glu Arg Arg Arg Gln Arg Glu
 405 410 415

Phe Phe Cys Phe Gly Met Asp Ile Leu Leu Lys Leu Asp Leu Pro Ala
 420 425 430

Thr Arg Arg Phe Phe Asp Ala Phe Phe Asp Leu Glu Pro Arg Tyr Trp
 435 440 445

His Gly Phe Leu Ser Ser Arg Leu Phe Leu Pro Glu Leu Ile Val Phe
 450 455 460

Gly Leu Ser Leu Phe Ser His Ala Ser Asn Thr Ser Arg Phe Glu Ile
 465 470 475 480

Met Thr Lys Gly Thr Val Pro Leu Val Asn Met Ile Asn Asn Leu Leu
 485 490 495

Gln Asp Lys Glu
 500

<210> 47

<211> 1666

<212> DNA

<213> Lycopersicon esculentum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1494)

<223>

<400> 47

atg gaa gct ctt ctc aag cct ttt cca tct ctt tta ctt tcc tct cct 48
 Met Glu Ala Leu Leu Lys Pro Phe Pro Ser Leu Leu Leu Ser Ser Pro
 1 5 10 15

aca ccc cat agg tct att ttc caa caa aat ccc tct ttt cta agt ccc 96
 Thr Pro His Arg Ser Ile Phe Gln Gln Asn Pro Ser Phe Leu Ser Pro
 20 25 30

acc acc aaa aaa aaa tca aga aaa tgt ctt ctt aga aac aaa agt agt 144
 Thr Thr Lys Lys Lys Ser Arg Lys Cys Leu Leu Arg Asn Lys Ser Ser
 35 40 45

aaa ctt ttt tgt agc ttt ctt gat tta gca ccc aca tca aag cca gag 192
 Lys Leu Phe Cys Ser Phe Leu Asp Leu Ala Pro Thr Ser Lys Pro Glu
 50 55 60

tct tta gat gtt aac atc tca tgg gtt gat cct aat tcg aat cgg gct 240
 Ser Leu Asp Val Asn Ile Ser Trp Val Asp Pro Asn Ser Asn Arg Ala
 65 70 75 80

caa ttc gac gtg atc att atc gga gct ggc cct gct ggg ctc agg cta 288
 Gln Phe Asp Val Ile Ile Ile Gly Ala Gly Pro Ala Gly Leu Arg Leu
 85 90 95

gct gaa caa gtt tct aaa tat ggt att aag gta tgt tgt gtt gac cct 336
 Ala Glu Gln Val Ser Lys Tyr Gly Ile Lys Val Cys Cys Val Asp Pro
 100 105 110

tca cca ctc tcc atg tgg cca aat aat tat ggt gtt tgg gtt gat gag	384
Ser Pro Leu Ser Met Trp Pro Asn Asn Tyr Gly Val Trp Val Asp Glu	
115 120 125	
ttt gag aat tta gga ctg gaa aat tgt tta gat cat aaa tgg cct atg	432
Phe Glu Asn Leu Gly Leu Glu Asn Cys Leu Asp His Lys Trp Pro Met	
130 135 140	
act tgt gtg cat ata aat gat aac aaa act aag tat ttg gga aga cca	480
Thr Cys Val His Ile Asn Asp Asn Lys Thr Lys Tyr Leu Gly Arg Pro	
145 150 155 160	
tat ggt aga gtt agt aga aag aag ctg aag ttg aaa ttg ttg aat agt	528
Tyr Gly Arg Val Ser Arg Lys Lys Leu Lys Leu Lys Leu Leu Asn Ser	
165 170 175	
tgt gtt gag aac aga gtg aag ttt tat aaa gct aag gtt tgg aaa gtg	576
Cys Val Glu Asn Arg Val Lys Phe Tyr Lys Ala Lys Val Trp Lys Val	
180 185 190	
gaa cat gaa gaa ttt gag tct tca att gtt tgt gat gat ggt aag aag	624
Glu His Glu Glu Phe Glu Ser Ser Ile Val Cys Asp Asp Gly Lys Lys	
195 200 205	
ata aga ggt agt ttg gtt gtg gat gca agt ggt ttt gct agt gat ttt	672
Ile Arg Gly Ser Leu Val Val Asp Ala Ser Gly Phe Ala Ser Asp Phe	
210 215 220	
ata gag tat gac agg cca aga aac cat ggt tat caa att gct cat ggg	720
Ile Glu Tyr Asp Arg Pro Arg Asn His Gly Tyr Gln Ile Ala His Gly	
225 230 235 240	
gtt tta gta gaa gtt gat aat cat cca ttt gat ttg gat aaa atg gtg	768
Val Leu Val Glu Val Asp Asn His Pro Phe Asp Leu Asp Lys Met Val	
245 250 255	
ctt atg gat tgg agg gat tct cat ttg ggt aat gag cca tat tta agg	816
Leu Met Asp Trp Arg Asp Ser His Leu Gly Asn Glu Pro Tyr Leu Arg	
260 265 270	
gtg aat aat gct aaa gaa cca aca ttc ttg tat gca atg cca ttt gat	864
Val Asn Asn Ala Lys Glu Pro Thr Phe Leu Tyr Ala Met Pro Phe Asp	
275 280 285	
aga gat ttg gtt ttc ttg gaa gag act tct ttg gtg agt cgt cct gtt	912
Arg Asp Leu Val Phe Leu Glu Glu Thr Ser Leu Val Ser Arg Pro Val	
290 295 300	
tta tcg tat atg gaa gta aaa aga agg atg gtg gca aga tta agg cat	960
Leu Ser Tyr Met Glu Val Lys Arg Arg Met Val Ala Arg Leu Arg His	
305 310 315 320	
ttg ggg atc aaa gtg aaa agt gtt att gag gaa gag aaa tgt gtg atc	1008
Leu Gly Ile Lys Val Lys Ser Val Ile Glu Glu Glu Lys Cys Val Ile	
325 330 335	

cct atg gga gga cca ctt ccg cgg att cct caa aat gtt atg gct att 1056
 Pro Met Gly Gly Pro Leu Pro Arg Ile Pro Gln Asn Val Met Ala Ile
 340 345 350

ggt ggg aat tca ggg ata gtt cat cca tca aca ggg tac atg gtg gct 1104
 Gly Gly Asn Ser Gly Ile Val His Pro Ser Thr Gly Tyr Met Val Ala
 355 360 365

agg agc atg gct tta gca cca gta cta gct gaa gcc atc gtc gag ggg 1152
 Arg Ser Met Ala Leu Ala Pro Val Leu Ala Glu Ala Ile Val Glu Gly
 370 375 380

ctt ggc tca aca aga atg ata aga ggg tct caa ctt tac cat aga gtt 1200
 Leu Gly Ser Thr Arg Met Ile Arg Gly Ser Gln Leu Tyr His Arg Val
 385 390 395 400

tgg aat ggt ttg tgg cct ttg gat aga aga tgt gtt aga gaa tgt tat 1248
 Trp Asn Gly Leu Trp Pro Leu Asp Arg Arg Cys Val Arg Glu Cys Tyr.
 405 410 415

tca ttt ggg atg gag aca ttg ttg aag ctt gat ttg aaa ggg act agg 1296
 Ser Phe Gly Met Glu Thr Leu Leu Lys Leu Asp Leu Lys Gly Thr Arg
 420 425 430

aga ttg ttt gac gct ttc ttt gat ctt gat cct aaa tac tgg caa ggg 1344
 Arg Leu Phe Asp Ala Phe Phe Asp Leu Asp Pro Lys Tyr Trp Gln Gly
 435 440 445

ttc ctt tct tca aga ttg tct gtc aaa gaa ctt ggt tta ctc agc ttg 1392
 Phe Leu Ser Ser Arg Leu Ser Val Lys Glu Leu Gly Leu Leu Ser Leu
 450 455 460

tgt ctt ttc gga cat ggc tca aac atg act agg ttg gat att gtt aca 1440
 Cys Leu Phe Gly His Gly Ser Asn Met Thr Arg Leu Asp Ile Val Thr
 465 470 475 480

aaa tgt cct ctt cct ttg gtt aga ctg att ggc aat cta gca ata gag 1488
 Lys Cys Pro Leu Pro Leu Val Arg Leu Ile Gly Asn Leu Ala Ile Glu
 485 490 495

agc ctt tgaatgtgaa aagtttgaat cattttcttc attttaattt ctttgattat 1544
 Ser Leu

tttcatattt totcaattgc aaaagtgaga taagagctac atactgtcaa caaataaact 1604

actattggaa agttaaaata tgtgtttgtt gtatgttatt ctaatggaat ggattttgta 1664

aa 1666

<210> 48

<211> 498

<212> PRT

<213> Lycopersicon esculentum

<400> 48

Met Glu Ala Leu Leu Lys Pro Phe Pro Ser Leu Leu Leu Ser Ser Pro
 1 5 10 15

Thr Pro His Arg Ser Ile Phe Gln Gln Asn Pro Ser Phe Leu Ser Pro
 20 25 30

Thr Thr Lys Lys Lys Ser Arg Lys Cys Leu Leu Arg Asn Lys Ser Ser
 35 40 45

Lys Leu Phe Cys Ser Phe Leu Asp Leu Ala Pro Thr Ser Lys Pro Glu
 50 55 60

Ser Leu Asp Val Asn Ile Ser Trp Val Asp Pro Asn Ser Asn Arg Ala
 65 70 75 80

Gln Phe Asp Val Ile Ile Ile Gly Ala Gly Pro Ala Gly Leu Arg Leu
 85 90 95

Ala Glu Gln Val Ser Lys Tyr Gly Ile Lys Val Cys Cys Val Asp Pro
 100 105 110

Ser Pro Leu Ser Met Trp Pro Asn Asn Tyr Gly Val Trp Val Asp Glu
 115 120 125

Phe Glu Asn Leu Gly Leu Glu Asn Cys Leu Asp His Lys Trp Pro Met
 130 135 140

Thr Cys Val His Ile Asn Asp Asn Lys Thr Lys Tyr Leu Gly Arg Pro
 145 150 155 160

Tyr Gly Arg Val Ser Arg Lys Lys Leu Lys Leu Lys Leu Leu Asn Ser
 165 170 175

Cys Val Glu Asn Arg Val Lys Phe Tyr Lys Ala Lys Val Trp Lys Val
 180 185 190

Glu His Glu Glu Phe Glu Ser Ser Ile Val Cys Asp Asp Gly Lys Lys
 195 200 205

Ile Arg Gly Ser Leu Val Val Asp Ala Ser Gly Phe Ala Ser Asp Phe
 210 215 220

Ile Glu Tyr Asp Arg Pro Arg Asn His Gly Tyr Gln Ile Ala His Gly
 225 230 235 240

Val Leu Val Glu Val Asp Asn His Pro Phe Asp Leu Asp Lys Met Val
 245 250 255

Leu Met Asp Trp Arg Asp Ser His Leu Gly Asn Glu Pro Tyr Leu Arg
 260 265 270

Val Asn Asn Ala Lys Glu Pro Thr Phe Leu Tyr Ala Met Pro Phe Asp
 275 280 285

Arg Asp Leu Val Phe Leu Glu Glu Thr Ser Leu Val Ser Arg Pro Val
 290 295 300

Leu Ser Tyr Met Glu Val Lys Arg Arg Met Val Ala Arg Leu Arg His
 305 310 315 320

Leu Gly Ile Lys Val Lys Ser Val Ile Glu Glu Glu Lys Cys Val Ile
 325 330 335

Pro Met Gly Gly Pro Leu Pro Arg Ile Pro Gln Asn Val Met Ala Ile
 340 345 350

Gly Gly Asn Ser Gly Ile Val His Pro Ser Thr Gly Tyr Met Val Ala
 355 360 365

Arg Ser Met Ala Leu Ala Pro Val Leu Ala Glu Ala Ile Val Glu Gly
 370 375 380

Leu Gly Ser Thr Arg Met Ile Arg Gly Ser Gln Leu Tyr His Arg Val
 385 390 395 400

Trp Asn Gly Leu Trp Pro Leu Asp Arg Arg Cys Val Arg Glu Cys Tyr
 405 410 415

Ser Phe Gly Met Glu Thr Leu Leu Lys Leu Asp Leu Lys Gly Thr Arg
 420 425 430

Arg Leu Phe Asp Ala Phe Phe Asp Leu Asp Pro Lys Tyr Trp Gln Gly
 435 440 445

Phe Leu Ser Ser Arg Leu Ser Val Lys Glu Leu Gly Leu Leu Ser Leu
 450 455 460

Cys Leu Phe Gly His Gly Ser Asn Met Thr Arg Leu Asp Ile Val Thr
 465 470 475 480

Lys Cys Pro Leu Pro Leu Val Arg Leu Ile Gly Asn Leu Ala Ile Glu
 485 490 495

Ser Leu

<210> 49

<211> 1608

<212> DNA

<213> Haematococcus pluvialis

<220>

<221> CDS

<222> (3)..(971)

<223>

<400> 49

ct aca ttt cac aag ccc gtg agc ggt gca agc gct ctg ccc cac atc 47
 Thr Phe His Lys Pro Val Ser Gly Ala Ser Ala Leu Pro His Ile
 1 5 10 15

ggc cca cct cct cat ctc cat cgg tca ttt gct gct acc acg atg ctg 95
 Gly Pro Pro Pro His Leu His Arg Ser Phe Ala Ala Thr Thr Met Leu
 20 25 30

tcg aag ctg cag tca atc agc gtc aag gcc cgc cgc gtt gaa cta gcc 143
 Ser Lys Leu Gln Ser Ile Ser Val Lys Ala Arg Arg Val Glu Leu Ala
 35 40 45

cgc gac atc acg cgg ccc aaa gtc tgc ctg cat gct cag cgg tgc tcg	191
Arg Asp Ile Thr Arg Pro Lys Val Cys Leu His Ala Gln Arg Cys Ser	
50 55 60	
tta gtt cgg ctg cga gtg gca gca cca cag aca gag gag gcg ctg gga	239
Leu Val Arg Leu Arg Val Ala Ala Pro Gln Thr Glu Glu Ala Leu Gly	
65 70 75	
acc gtg cag gct gcc ggc gcg ggc gat gag cac agc gcc gat gta gca	287
Thr Val Gln Ala Ala Gly Ala Gly Asp Glu His Ser Ala Asp Val Ala	
80 85 90 95	
ctc cag cag ctt gac cgg gct atc gca gag cgt cgt gcc cgg cgc aaa	335
Leu Gln Gln Leu Asp Arg Ala Ile Ala Glu Arg Arg Ala Arg Arg Lys	
100 105 110	
cgg gag cag ctg tca tac cag gct gcc gcc att gca gca tca att ggc	383
Arg Glu Gln Leu Ser Tyr Gln Ala Ala Ile Ala Ala Ser Ile Gly	
115 120 125	
gtg tca ggc att gcc atc ttc gcc acc tac ctg aga ttt gcc atg cac	431
Val Ser Gly Ile Ala Ile Phe Ala Thr Tyr Leu Arg Phe Ala Met His	
130 135 140	
atg acc gtg ggc ggc gca gtg cca tgg ggt gaa gtg gct ggc act ctc	479
Met Thr Val Gly Gly Ala Val Pro Trp Gly Glu Val Ala Gly Thr Leu	
145 150 155	
ctc ttg gtg gtt ggt ggc gcg ctc ggc atg gag atg tat gcc cgc tat	527
Leu Leu Val Val Gly Gly Ala Leu Gly Met Glu Met Tyr Ala Arg Tyr	
160 165 170 175	
gca cac aaa gcc atc tgg cat gag tcg cct ctg ggc tgg ctg ctg cac	575
Ala His Lys Ala Ile Trp His Glu Ser Pro Leu Gly Trp Leu Leu His	
180 185 190	
aag agc cac cac aca cct cgc act gga ccc ttt gaa gcc aac gac ttg	623
Lys Ser His His Thr Pro Arg Thr Gly Pro Phe Glu Ala Asn Asp Leu	
195 200 205	
ttt gca atc atc aat gga ctg ccc gcc atg ctc ctg tgt acc ttt ggc	671
Phe Ala Ile Ile Asn Gly Leu Pro Ala Met Leu Leu Cys Thr Phe Gly	
210 215 220	
ttc tgg ctg ccc aac gtc ctg ggg gcg gcc tgc ttt gga gcg ggg ctg	719
Phe Trp Leu Pro Asn Val Leu Gly Ala Ala Cys Phe Gly Ala Gly Leu	
225 230 235	
ggc atc acg cta tac ggc atg gca tat atg ttt gta cac gat ggc ctg	767
Gly Ile Thr Leu Tyr Gly Met Ala Tyr Met Phe Val His Asp Gly Leu	
240 245 250 255	
gtg cac agg cgc ttt ccc acc ggg ccc atc gct ggc ctg ccc tac atg	815
Val His Arg Arg Phe Pro Thr Gly Pro Ile Ala Gly Leu Pro Tyr Met	
260 265 270	

Pro Pro Pro His Leu His Arg Ser Phe Ala Ala Thr Thr Met Leu Ser
20 25 30

Lys Leu Gln Ser Ile Ser Val Lys Ala Arg Arg Val Glu Leu Ala Arg
 35 40 45

Asp Ile Thr Arg Pro Lys Val Cys Leu His Ala Gln Arg Cys Ser Leu
 50 55 60

Val Arg Leu Arg Val Ala Ala Pro Gln Thr Glu Glu Ala Leu Gly Thr
 65 70 75 80

Val Gln Ala Ala Gly Ala Gly Asp Glu His Ser Ala Asp Val Ala Leu
 85 90 95

Gln Gln Leu Asp Arg Ala Ile Ala Glu Arg Arg Ala Arg Arg Lys Arg
 100 105 110

Glu Gln Leu Ser Tyr Gln Ala Ala Ala Ile Ala Ala Ser Ile Gly Val
 115 120 125

Ser Gly Ile Ala Ile Phe Ala Thr Tyr Leu Arg Phe Ala Met His Met
 130 135 140

Thr Val Gly Gly Ala Val Pro Trp Gly Glu Val Ala Gly Thr Leu Leu
 145 150 155 160

Leu Val Val Gly Gly Ala Leu Gly Met Glu Met Tyr Ala Arg Tyr Ala
 165 170 175

His Lys Ala Ile Trp His Glu Ser Pro Leu Gly Trp Leu Leu His Lys
 180 185 190

Ser His His Thr Pro Arg Thr Gly Pro Phe Glu Ala Asn Asp Leu Phe
 195 200 205

Ala Ile Ile Asn Gly Leu Pro Ala Met Leu Leu Cys Thr Phe Gly Phe
 210 215 220

Trp Leu Pro Asn Val Leu Gly Ala Ala Cys Phe Gly Ala Gly Leu Gly
 225 230 235 240

Ile Thr Leu Tyr Gly Met Ala Tyr Met Phe Val His Asp Gly Leu Val
 245 250 255

His Arg Arg Phe Pro Thr Gly Pro Ile Ala Gly Leu Pro Tyr Met Lys
 260 265 270

Arg Leu Thr Val Ala His Gln Leu His His Ser Gly Lys Tyr Gly Gly
 275 280 285

Ala Pro Trp Gly Met Phe Leu Gly Pro Gln Glu Leu Gln His Ile Pro
 290 295 300

Gly Ala Ala Glu Glu Val Glu Arg Leu Val Leu Glu Leu Asp Trp Ser
 305 310 315 320

Lys Arg

<210> 51

<211> 1163

<212> DNA

<213> Lycopersicon esculentum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(942)

<223>

<400> 51

att cgg cac gag att tca gcc tcc gct agt tcc cga acc att cgc ctc 48
 Ile Arg His Glu Ile Ser Ala Ser Ala Ser Ser Arg Thr Ile Arg Leu
 1 5 10 15

cgt cat aac ccg ttt ctc agt cca aaa tcc gcc tca acc gcc ccg ccg 96
 Arg His Asn Pro Phe Leu Ser Pro Lys Ser Ala Ser Thr Ala Pro Pro
 20 25 30

gtt ctg ttc ttc tct ccg tta act cgc aat ttt ggc gca att ttg ctg 144
 Val Leu Phe Phe Ser Pro Leu Thr Arg Asn Phe Gly Ala Ile Leu Leu
 35 40 45

tct aga aga aag ccg aga ttg gcg gtt tgt ttt gtg ctg gag aat gag 192

Ser	Arg	Arg	Lys	Pro	Arg	Leu	Ala	Val	Cys	Phe	Val	Leu	Glu	Asn	Glu	
50						55					60					
aaa	ttg	aat	agt	act	atc	gaa	agt	gag	agt	gaa	gta	ata	gag	gat	cgg	240
Lys	Leu	Asn	Ser	Thr	Ile	Glu	Ser	Glu	Ser	Glu	Val	Ile	Glu	Asp	Arg	
65					70				75					80		
ata	caa	gta	gag	att	aat	gag	gag	aag	agt	tta	gct	gcc	agt	tgg	ctg	288
Ile	Gln	Val	Glu	Ile	Asn	Glu	Glu	Lys	Ser	Leu	Ala	Ala	Ser	Trp	Leu	
				85				90						95		
gcg	gag	aaa	ttg	gcg	agg	aag	aaa	tcg	gag	agg	ttt	act	tat	ctt	gtg	336
Ala	Glu	Lys	Leu	Ala	Arg	Lys	Lys	Ser	Glu	Arg	Phe	Thr	Tyr	Leu	Val	
			100					105					110			
gca	gct	gtg	atg	tct	agt	ttg	ggg	att	act	tct	atg	gcg	att	ttg	gcg	384
Ala	Ala	Val	Met	Ser	Ser	Leu	Gly	Ile	Thr	Ser	Met	Ala	Ile	Leu	Ala	
			115				120					125				
gtt	tat	tac	aga	ttt	tca	tgg	caa	atg	gag	ggt	gga	gaa	gtg	cct	ttt	432
Val	Tyr	Tyr	Arg	Phe	Ser	Trp	Gln	Met	Glu	Gly	Gly	Glu	Val	Pro	Phe	
	130					135					140					
tct	gaa	atg	tta	gct	aca	ttc	act	ctc	tcg	ttt	ggc	gct	gcc	gta	gga	480
Ser	Glu	Met	Leu	Ala	Thr	Phe	Thr	Leu	Ser	Phe	Gly	Ala	Ala	Val	Gly	
145					150				155					160		
atg	gag	tac	tgg	gcg	aga	tgg	gct	cat	aga	gca	cta	tgg	cat	gct	tct	528
Met	Glu	Tyr	Trp	Ala	Arg	Trp	Ala	His	Arg	Ala	Leu	Trp	His	Ala	Ser	
				165				170						175		
tta	tgg	cac	atg	cac	gag	tcg	cac	cat	aga	cca	aga	gaa	gga	cct	ttt	576
Leu	Trp	His	Met	His	Glu	Ser	His	His	Arg	Pro	Arg	Glu	Gly	Pro	Phe	
			180					185					190			
gag	atg	aac	gac	gtt	ttc	gcc	ata	aca	aat	gct	gtt	cca	gct	ata	ggt	624
Glu	Met	Asn	Asp	Val	Phe	Ala	Ile	Thr	Asn	Ala	Val	Pro	Ala	Ile	Gly	
		195					200					205				
ctt	ctt	tcc	tac	ggt	ttc	ttc	cat	aaa	ggg	atc	gtc	cct	ggc	ctc	tgt	672
Leu	Leu	Ser	Tyr	Gly	Phe	Phe	His	Lys	Gly	Ile	Val	Pro	Gly	Leu	Cys	
	210					215					220					
ttc	ggc	gct	gga	ttg	ggg	atc	aca	gta	ttt	ggg	atg	gct	tac	atg	ttc	720
Phe	Gly	Ala	Gly	Leu	Gly	Ile	Thr	Val	Phe	Gly	Met	Ala	Tyr	Met	Phe	
225					230					235				240		
gtt	cac	gat	gga	ctg	gtt	cat	aag	aga	ttt	ccc	gta	ggg	cct	att	gcc	768
Val	His	Asp	Gly	Leu	Val	His	Lys	Arg	Phe	Pro	Val	Gly	Pro	Ile	Ala	
				245				250						255		
aac	gtg	cct	tac	ttt	cgg	agg	gta	gct	gca	gca	cat	cag	ctt	cat	cac	816
Asn	Val	Pro	Tyr	Phe	Arg	Arg	Val	Ala	Ala	Ala	His	Gln	Leu	His	His	
			260				265					270				
tcg	gac	aaa	ttt	gat	ggt	gtc	cca	tat	ggc	ttg	ttt	cta	gga	cct	aag	864

Ser Asp Lys Phe Asp Gly Val Pro Tyr Gly Leu Phe Leu Gly Pro Lys
 275 280 285

gaa ttg gaa gaa gta gga gga ctt gaa gag tta gaa aag gaa gtc aac 912
 Glu Leu Glu Glu Val Gly Gly Leu Glu Glu Leu Glu Lys Glu Val Asn
 290 295 300

cga agg att aaa att tct aag gga tta tta tgatcaaaaag atacgtctga 962
 Arg Arg Ile Lys Ile Ser Lys Gly Leu Leu
 305 310

taataataaa atgcgattgt atttaggctg tagattatta ttgggaaaaa gatagaaaga 1022

tatatatatg aatataatat aaaatgcaac aagctttcta tggagaagac cttttctttt 1082

ttggtacctg tacgtaaaag gtgaacaatt tgatgtccta gtacttggtg acaaaccaga 1142

agaacgataa ttcaaaaacaa a 1163

<210> 52

<211> 314

<212> PRT

<213> Lycopersicon esculentum

<400> 52

Ile Arg His Glu Ile Ser Ala Ser Ala Ser Ser Arg Thr Ile Arg Leu
 1 5 10 15

Arg His Asn Pro Phe Leu Ser Pro Lys Ser Ala Ser Thr Ala Pro Pro
 20 25 30

Val Leu Phe Phe Ser Pro Leu Thr Arg Asn Phe Gly Ala Ile Leu Leu
 35 40 45

Ser Arg Arg Lys Pro Arg Leu Ala Val Cys Phe Val Leu Glu Asn Glu
 50 55 60

Lys Leu Asn Ser Thr Ile Glu Ser Glu Ser Glu Val Ile Glu Asp Arg
 65 70 75 80

Ile Gln Val Glu Ile Asn Glu Glu Lys Ser Leu Ala Ala Ser Trp Leu
 85 90 95

Ala Glu Lys Leu Ala Arg Lys Lys Ser Glu Arg Phe Thr Tyr Leu Val
 100 105 110

Ala Ala Val Met Ser Ser Leu Gly Ile Thr Ser Met Ala Ile Leu Ala
 115 120 125

Val Tyr Tyr Arg Phe Ser Trp Gln Met Glu Gly Gly Glu Val Pro Phe
 130 135 140

Ser Glu Met Leu Ala Thr Phe Thr Leu Ser Phe Gly Ala Ala Val Gly
 145 150 155 160

Met Glu Tyr Trp Ala Arg Trp Ala His Arg Ala Leu Trp His Ala Ser
 165 170 175

Leu Trp His Met His Glu Ser His His Arg Pro Arg Glu Gly Pro Phe
 180 185 190

Glu Met Asn Asp Val Phe Ala Ile Thr Asn Ala Val Pro Ala Ile Gly
 195 200 205

Leu Leu Ser Tyr Gly Phe Phe His Lys Gly Ile Val Pro Gly Leu Cys
 210 215 220

Phe Gly Ala Gly Leu Gly Ile Thr Val Phe Gly Met Ala Tyr Met Phe
 225 230 235 240

Val His Asp Gly Leu Val His Lys Arg Phe Pro Val Gly Pro Ile Ala
 245 250 255

Asn Val Pro Tyr Phe Arg Arg Val Ala Ala Ala His Gln Leu His His
 260 265 270

Ser Asp Lys Phe Asp Gly Val Pro Tyr Gly Leu Phe Leu Gly Pro Lys
 275 280 285

Glu Leu Glu Glu Val Gly Gly Leu Glu Glu Leu Glu Lys Glu Val Asn
 290 295 300

Arg Arg Ile Lys Ile Ser Lys Gly Leu Leu
 305 310

<210> 53

<211> 1779

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1779)

<223>

<400> 53

atg gat ctc cgt cgg agg cct cct aaa cca ccg gtt acc aac aac aac	48
Met Asp Leu Arg Arg Arg Pro Pro Lys Pro Pro Val Thr Asn Asn Asn	
1 5 10 15	
aac tcc aac gga tct ttc cgt tct tat cag cct cgc act tcc gat gac	96
Asn Ser Asn Gly Ser Phe Arg Ser Tyr Gln Pro Arg Thr Ser Asp Asp	
20 25 30	
gat cat cgt cgc cgg gct aca aca att gct cct cca ccg aaa gca tcc	144
Asp His Arg Arg Arg Ala Thr Thr Ile Ala Pro Pro Pro Lys Ala Ser	
35 40 45	
gac gcg ctt cct ctt ccg tta tat ctc aca aac gcc gtt ttc ttc acg	192
Asp Ala Leu Pro Leu Pro Leu Tyr Leu Thr Asn Ala Val Phe Phe Thr	
50 55 60	
ctc ttc ttc tcc gtc gcg tat tac ctc ctc cac cgg tgg cgt gac aag	240
Leu Phe Phe Ser Val Ala Tyr Tyr Leu Leu His Arg Trp Arg Asp Lys	
65 70 75 80	
atc cgt tac aat acg cct ctt cac gtc gtc act atc aca gaa ctc ggc	288
Ile Arg Tyr Asn Thr Pro Leu His Val Val Thr Ile Thr Glu Leu Gly	
85 90 95	
gcc att att gct ctc atc gct tcg ttt atc tat ctc cta ggg ttt ttt	336
Ala Ile Ile Ala Leu Ile Ala Ser Phe Ile Tyr Leu Leu Gly Phe Phe	
100 105 110	
ggc att gac ttt gtt cag tca ttt atc tca cgt gcc tct ggt gat gct	384
Gly Ile Asp Phe Val Gln Ser Phe Ile Ser Arg Ala Ser Gly Asp Ala	
115 120 125	
tgg gat ctc gcc gat acg atc gat gat gat gac cac cgc ctt gtc acg	432
Trp Asp Leu Ala Asp Thr Ile Asp Asp Asp Asp His Arg Leu Val Thr	
130 135 140	

tgc tct cca ccg act ccg atc gtt tcc gtt gct aaa tta cct aat ccg	480
Cys Ser Pro Pro Thr Pro Ile Val Ser Val Ala Lys Leu Pro Asn Pro	
145 150 155 160	
gaa cct att gtt acc gaa tcg ctt cct gag gaa gac gag gag att gtg	528
Glu Pro Ile Val Thr Glu Ser Leu Pro Glu Glu Asp Glu Glu Ile Val	
165 170 175	
aaa tcg gtt atc gac gga gtt att cca tcg tac tcg ctt gaa tct cgt	576
Lys Ser Val Ile Asp Gly Val Ile Pro Ser Tyr Ser Leu Glu Ser Arg	
180 185 190	
ctc ggt gat tgc aaa aga gcg gcg tcg att cgt cgt gag gcg ttg cag	624
Leu Gly Asp Cys Lys Arg Ala Ala Ser Ile Arg Arg Glu Ala Leu Gln	
195 200 205	
aga gtc acc ggg aga tcg att gaa ggg tta ccg ttg gat gga ttt gat	672
Arg Val Thr Gly Arg Ser Ile Glu Gly Leu Pro Leu Asp Gly Phe Asp	
210 215 220	
tat gaa tcg att ttg ggg caa tgc tgt gag atg cct gtt gga tac att	720
Tyr Glu Ser Ile Leu Gly Gln Cys Cys Glu Met Pro Val Gly Tyr Ile	
225 230 235 240	
cag att cct gtt ggg att gct ggt cca ttg ttg ctt gat ggt tat gag	768
Gln Ile Pro Val Gly Ile Ala Gly Pro Leu Leu Leu Asp Gly Tyr Glu	
245 250 255	
tac tct gtt cct atg gct aca acc gaa ggt tgt ttg gtt gct agc act	816
Tyr Ser Val Pro Met Ala Thr Thr Glu Gly Cys Leu Val Ala Ser Thr	
260 265 270	
aac aga ggc tgc aag gct atg ttt atc tct ggt ggc gcc acc agt acc	864
Asn Arg Gly Cys Lys Ala Met Phe Ile Ser Gly Gly Ala Thr Ser Thr	
275 280 285	
gtt ctt aag gac ggt atg acc cga gca cct gtt gtt cgg ttc gct tcg	912
Val Leu Lys Asp Gly Met Thr Arg Ala Pro Val Val Arg Phe Ala Ser	
290 295 300	
gcg aga cga gct tcg gag ctt aag ttt ttc ttg gag aat cca gag aac	960
Ala Arg Arg Ala Ser Glu Leu Lys Phe Phe Leu Glu Asn Pro Glu Asn	
305 310 315 320	
ttt gat act ttg gca gta gtc ttc aac agg tcg agt aga ttt gca aga	1008
Phe Asp Thr Leu Ala Val Val Phe Asn Arg Ser Ser Arg Phe Ala Arg	
325 330 335	
ctg caa agt gtt aaa tgc aca atc gcg ggg aag aat gct tat gta agg	1056
Leu Gln Ser Val Lys Cys Thr Ile Ala Gly Lys Asn Ala Tyr Val Arg	
340 345 350	
ttc tgt tgt agt act ggt gat gct atg ggg atg aat atg gtt tct aaa	1104
Phe Cys Cys Ser Thr Gly Asp Ala Met Gly Met Asn Met Val Ser Lys	
355 360 365	

ggt gtg cag aat gtt ctt gag tat ctt acc gat gat ttc cct gac atg	1152
Gly Val Gln Asn Val Leu Glu Tyr Leu Thr Asp Asp Phe Pro Asp Met	
370 375 380	
gat gtg att gga atc tct ggt aac ttc tgt tcg gac aag aaa cct gct	1200
Asp Val Ile Gly Ile Ser Gly Asn Phe Cys Ser Asp Lys Lys Pro Ala	
385 390 395 400	
gct gtg aac tgg att gag gga cgt ggt aaa tca gtt gtt tgc gag gct	1248
Ala Val Asn Trp Ile Glu Gly Arg Gly Lys Ser Val Val Cys Glu Ala	
405 410 415	
gta atc aga gga gag atc gtg aac aag gtc ttg aaa acg agc gtg gct	1296
Val Ile Arg Gly Glu Ile Val Asn Lys Val Leu Lys Thr Ser Val Ala	
420 425 430	
gct tta gtc gag ctc aac atg ctc aag aac cta gct ggc tct gct gtt	1344
Ala Leu Val Glu Leu Asn Met Leu Lys Asn Leu Ala Gly Ser Ala Val	
435 440 445	
gca ggc tct cta ggt gga ttc aac gct cat gcc agt aac ata gtg tct	1392
Ala Gly Ser Leu Gly Gly Phe Asn Ala His Ala Ser Asn Ile Val Ser	
450 455 460	
gct gta ttc ata gct act ggc caa gat cca gct caa aac gtg gag agt	1440
Ala Val Phe Ile Ala Thr Gly Gln Asp Pro Ala Gln Asn Val Glu Ser	
465 470 475 480	
tct caa tgc atc acc atg atg gaa gct att aat gac ggc aaa gat atc	1488
Ser Gln Cys Ile Thr Met Met Glu Ala Ile Asn Asp Gly Lys Asp Ile	
485 490 495	
cat atc tca gtc act atg cca tct atc gag gtg ggg aca gtg gga gga	1536
His Ile Ser Val Thr Met Pro Ser Ile Glu Val Gly Thr Val Gly Gly	
500 505 510	
gga aca cag ctt gca tct caa tca gcg tgt tta aac ctg ctc gga gtt	1584
Gly Thr Gln Leu Ala Ser Gln Ser Ala Cys Leu Asn Leu Leu Gly Val	
515 520 525	
aaa gga gca agc aca gag tcg ccg gga atg aac gca agg agg cta gcg	1632
Lys Gly Ala Ser Thr Glu Ser Pro Gly Met Asn Ala Arg Arg Leu Ala	
530 535 540	
acg atc gta gcc gga gca gtt tta gct gga gag tta tct tta atg tca	1680
Thr Ile Val Ala Gly Ala Val Leu Ala Gly Glu Leu Ser Leu Met Ser	
545 550 555 560	
gca att gca gct gga cag ctt gtg aga agt cac atg aaa tac aat aga	1728
Ala Ile Ala Ala Gly Gln Leu Val Arg Ser His Met Lys Tyr Asn Arg	
565 570 575	
tcc agc cga gac atc tct gga gca acg aca acg aca aca aca aca aca	1776
Ser Ser Arg Asp Ile Ser Gly Ala Thr Thr Thr Thr Thr Thr Thr	
580 585 590	

tga

1779

<210> 54

<211> 592

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 54

Met Asp Leu Arg Arg Arg Pro Pro Lys Pro Pro Val Thr Asn Asn Asn
1 5 10 15

Asn Ser Asn Gly Ser Phe Arg Ser Tyr Gln Pro Arg Thr Ser Asp Asp
20 25 30

Asp His Arg Arg Arg Ala Thr Thr Ile Ala Pro Pro Pro Lys Ala Ser
35 40 45

Asp Ala Leu Pro Leu Pro Leu Tyr Leu Thr Asn Ala Val Phe Phe Thr
50 55 60

Leu Phe Phe Ser Val Ala Tyr Tyr Leu Leu His Arg Trp Arg Asp Lys
65 70 75 80

Ile Arg Tyr Asn Thr Pro Leu His Val Val Thr Ile Thr Glu Leu Gly
85 90 95

Ala Ile Ile Ala Leu Ile Ala Ser Phe Ile Tyr Leu Leu Gly Phe Phe
100 105 110

Gly Ile Asp Phe Val Gln Ser Phe Ile Ser Arg Ala Ser Gly Asp Ala
115 120 125

Trp Asp Leu Ala Asp Thr Ile Asp Asp Asp Asp His Arg Leu Val Thr
130 135 140

Cys Ser Pro Pro Thr Pro Ile Val Ser Val Ala Lys Leu Pro Asn Pro
145 150 155 160

Glu Pro Ile Val Thr Glu Ser Leu Pro Glu Glu Asp Glu Glu Ile Val
 165 170 175

Lys Ser Val Ile Asp Gly Val Ile Pro Ser Tyr Ser Leu Glu Ser Arg
 180 185 190

Leu Gly Asp Cys Lys Arg Ala Ala Ser Ile Arg Arg Glu Ala Leu Gln
 195 200 205

Arg Val Thr Gly Arg Ser Ile Glu Gly Leu Pro Leu Asp Gly Phe Asp
 210 215 220

Tyr Glu Ser Ile Leu Gly Gln Cys Cys Glu Met Pro Val Gly Tyr Ile
 225 230 235 240

Gln Ile Pro Val Gly Ile Ala Gly Pro Leu Leu Leu Asp Gly Tyr Glu
 245 250 255

Tyr Ser Val Pro Met Ala Thr Thr Glu Gly Cys Leu Val Ala Ser Thr
 260 265 270

Asn Arg Gly Cys Lys Ala Met Phe Ile Ser Gly Gly Ala Thr Ser Thr
 275 280 285

Val Leu Lys Asp Gly Met Thr Arg Ala Pro Val Val Arg Phe Ala Ser
 290 295 300

Ala Arg Arg Ala Ser Glu Leu Lys Phe Phe Leu Glu Asn Pro Glu Asn
 305 310 315 320

Phe Asp Thr Leu Ala Val Val Phe Asn Arg Ser Ser Arg Phe Ala Arg
 325 330 335

Leu Gln Ser Val Lys Cys Thr Ile Ala Gly Lys Asn Ala Tyr Val Arg
 340 345 350

Phe Cys Cys Ser Thr Gly Asp Ala Met Gly Met Asn Met Val Ser Lys
 355 360 365

Gly Val Gln Asn Val Leu Glu Tyr Leu Thr Asp Asp Phe Pro Asp Met
 370 375 380

Asp Val Ile Gly Ile Ser Gly Asn Phe Cys Ser Asp Lys Lys Pro Ala
 385 390 395 400

Ala Val Asn Trp Ile Glu Gly Arg Gly Lys Ser Val Val Cys Glu Ala
 405 410 415

Val Ile Arg Gly Glu Ile Val Asn Lys Val Leu Lys Thr Ser Val Ala
 420 425 430

Ala Leu Val Glu Leu Asn Met Leu Lys Asn Leu Ala Gly Ser Ala Val
 435 440 445

Ala Gly Ser Leu Gly Gly Phe Asn Ala His Ala Ser Asn Ile Val Ser
 450 455 460

Ala Val Phe Ile Ala Thr Gly Gln Asp Pro Ala Gln Asn Val Glu Ser
 465 470 475 480

Ser Gln Cys Ile Thr Met Met Glu Ala Ile Asn Asp Gly Lys Asp Ile
 485 490 495

His Ile Ser Val Thr Met Pro Ser Ile Glu Val Gly Thr Val Gly Gly
 500 505 510

Gly Thr Gln Leu Ala Ser Gln Ser Ala Cys Leu Asn Leu Leu Gly Val
 515 520 525

Lys Gly Ala Ser Thr Glu Ser Pro Gly Met Asn Ala Arg Arg Leu Ala
 530 535 540

Thr Ile Val Ala Gly Ala Val Leu Ala Gly Glu Leu Ser Leu Met Ser
 545 550 555 560

Ala Ile Ala Ala Gly Gln Leu Val Arg Ser His Met Lys Tyr Asn Arg
 565 570 575

Ser Ser Arg Asp Ile Ser Gly Ala Thr Thr Thr Thr Thr Thr Thr
 580 585 590

<210> 55

<211> 1401

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana ISPH

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1401)

<223>

<400> 55

atg gct gtt gcg ctc caa ttc agc cga tta tgc gtt cga ccg gat act	48
Met Ala Val Ala Leu Gln Phe Ser Arg Leu Cys Val Arg Pro Asp Thr	
1 5 10 15	

ttc gtg cgg gag aat cat ctc tct gga tcc gga tct ctc cgc cgc cgg	96
Phe Val Arg Glu Asn His Leu Ser Gly Ser Gly Ser Leu Arg Arg Arg	
20 25 30	

aaa gct tta tca gtc cgg tgc tgc tct ggc gat gag aac gct cct tcg	144
Lys Ala Leu Ser Val Arg Cys Ser Ser Gly Asp Glu Asn Ala Pro Ser	
35 40 45	

cca tcg gtg gtg atg gac tcc gat ttc gac gcc aag gtg ttc cgt aag	192
Pro Ser Val Val Met Asp Ser Asp Phe Asp Ala Lys Val Phe Arg Lys	
50 55 60	

aac ttg acg aga agc gat aat tac aat cgt aaa ggg ttc ggt cat aag	240
Asn Leu Thr Arg Ser Asp Asn Tyr Asn Arg Lys Gly Phe Gly His Lys	
65 70 75 80	

gag gag aca ctc aag ctc atg aat cga gag tac acc agt gat ata ttg	288
Glu Glu Thr Leu Lys Leu Met Asn Arg Glu Tyr Thr Ser Asp Ile Leu	
85 90 95	

gag aca ctg aaa aca aat ggg tat act tat tct tgg gga gat gtt act	336
Glu Thr Leu Lys Thr Asn Gly Tyr Thr Tyr Ser Trp Gly Asp Val Thr	
100 105 110	

gtg aaa ctc gct aaa gca tat ggt ttt tgc tgg ggt gtt gag cgt gct	384
Val Lys Leu Ala Lys Ala Tyr Gly Phe Cys Trp Gly Val Glu Arg Ala	
115 120 125	

gtt cag att gca tat gaa gca cga aag cag ttt cca gag gag agg ctt	432
Val Gln Ile Ala Tyr Glu Ala Arg Lys Gln Phe Pro Glu Glu Arg Leu	
130 135 140	

tgg att act aac gaa atc att cat aac ccg acc gtc aat aag agg ttg	480
Trp Ile Thr Asn Glu Ile Ile His Asn Pro Thr Val Asn Lys Arg Leu	
145 150 155 160	

gaa gat atg gat gtt aaa att att ccg gtt gag gat tca aag aaa cag	528
Glu Asp Met Asp Val Lys Ile Ile Pro Val Glu Asp Ser Lys Lys Gln	
165 170 175	
ttt gat gta gta gag aaa gat gat gtg gtt atc ctt cct gcg ttt gga	576
Phe Asp Val Val Glu Lys Asp Asp Val Val Ile Leu Pro Ala Phe Gly	
180 185 190	
gct ggt gtt gac gag atg tat gtt ctt aat gat aaa aag gtg caa att	624
Ala Gly Val Asp Glu Met Tyr Val Leu Asn Asp Lys Lys Val Gln Ile	
195 200 205	
gtt gac acg act tgt cct tgg gtg aca aag gtc tgg aac acg gtt gag	672
Val Asp Thr Thr Cys Pro Trp Val Thr Lys Val Trp Asn Thr Val Glu	
210 215 220	
aag cac aag aag ggg gaa tac aca tca gta atc cat ggt aaa tat aat	720
Lys His Lys Lys Gly Glu Tyr Thr Ser Val Ile His Gly Lys Tyr Asn	
225 230 235 240	
cat gaa gag acg att gca act gcg tct ttt gca gga aag tac atc att	768
His Glu Glu Thr Ile Ala Thr Ala Ser Phe Ala Gly Lys Tyr Ile Ile	
245 250 255	
gta aag aac atg aaa gag gca aat tac gtt tgt gat tac att ctc ggt	816
Val Lys Asn Met Lys Glu Ala Asn Tyr Val Cys Asp Tyr Ile Leu Gly	
260 265 270	
ggc caa tac gat gga tct agc tcc aca aaa gag gag ttc atg gag aaa	864
Gly Gln Tyr Asp Gly Ser Ser Ser Thr Lys Glu Glu Phe Met Glu Lys	
275 280 285	
ttc aaa tac gca att tcg aag ggt ttc gat ccc gac aat gac ctt gtc	912
Phe Lys Tyr Ala Ile Ser Lys Gly Phe Asp Pro Asp Asn Asp Leu Val	
290 295 300	
aaa gtt ggt att gca aac caa aca acg atg cta aag gga gaa aca gag	960
Lys Val Gly Ile Ala Asn Gln Thr Thr Met Leu Lys Gly Glu Thr Glu	
305 310 315 320	
gag ata gga aga tta ctc gag aca aca atg atg cgc aag tat gga gtg	1008
Glu Ile Gly Arg Leu Leu Glu Thr Thr Met Met Arg Lys Tyr Gly Val	
325 330 335	
gaa aat gta agc gga cat ttc atc agc ttc aac aca ata tgc gac gct	1056
Glu Asn Val Ser Gly His Phe Ile Ser Phe Asn Thr Ile Cys Asp Ala	
340 345 350	
act caa gag cga caa gac gca atc tat gag cta gtg gaa gag aag att	1104
Thr Gln Glu Arg Gln Asp Ala Ile Tyr Glu Leu Val Glu Glu Lys Ile	
355 360 365	
gac ctc atg cta gtg gtt ggc gga tgg aat tca agt aac acc tct cac	1152
Asp Leu Met Leu Val Val Gly Gly Trp Asn Ser Ser Asn Thr Ser His	
370 375 380	

ctt cag gaa atc tca gag gca cgg gga atc cca tct tac tgg atc gat 1200
 Leu Gln Glu Ile Ser Glu Ala Arg Gly Ile Pro Ser Tyr Trp Ile Asp
 385 390 395 400

agt gag aaa cgg ata gga cct ggg aat aaa ata gcc tat aag ctc cac 1248
 Ser Glu Lys Arg Ile Gly Pro Gly Asn Lys Ile Ala Tyr Lys Leu His
 405 410 415

tat gga gaa ctg gtc gag aag gaa aac ttt ctc cca aag gga cca ata 1296
 Tyr Gly Glu Leu Val Glu Lys Glu Asn Phe Leu Pro Lys Gly Pro Ile
 420 425 430

aca atc ggt gtg aca tca ggt gca tca acc ccg gat aag gtc gtg gaa 1344
 Thr Ile Gly Val Thr Ser Gly Ala Ser Thr Pro Asp Lys Val Val Glu
 435 440 445

gat gct ttg gtg aag gtg ttc gac att aaa cgt gaa gag tta ttg cag 1392
 Asp Ala Leu Val Lys Val Phe Asp Ile Lys Arg Glu Glu Leu Leu Gln
 450 455 460

ctg gct tga 1401
 Leu Ala
 465

<210> 56

<211> 466

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana ISPH

<400> 56

Met Ala Val Ala Leu Gln Phe Ser Arg Leu Cys Val Arg Pro Asp Thr
 1 5 10 15

Phe Val Arg Glu Asn His Leu Ser Gly Ser Gly Ser Leu Arg Arg Arg
 20 25 30

Lys Ala Leu Ser Val Arg Cys Ser Ser Gly Asp Glu Asn Ala Pro Ser
 35 40 45

Pro Ser Val Val Met Asp Ser Asp Phe Asp Ala Lys Val Phe Arg Lys
 50 55 60

Asn Leu Thr Arg Ser Asp Asn Tyr Asn Arg Lys Gly Phe Gly His Lys
 65 70 75 80

Glu Glu Thr Leu Lys Leu Met Asn Arg Glu Tyr Thr Ser Asp Ile Leu
85 90 95

Glu Thr Leu Lys Thr Asn Gly Tyr Thr Tyr Ser Trp Gly Asp Val Thr
100 105 110

Val Lys Leu Ala Lys Ala Tyr Gly Phe Cys Trp Gly Val Glu Arg Ala
115 120 125

Val Gln Ile Ala Tyr Glu Ala Arg Lys Gln Phe Pro Glu Glu Arg Leu
130 135 140

Trp Ile Thr Asn Glu Ile Ile His Asn Pro Thr Val Asn Lys Arg Leu
145 150 155 160

Glu Asp Met Asp Val Lys Ile Ile Pro Val Glu Asp Ser Lys Lys Gln
165 170 175

Phe Asp Val Val Glu Lys Asp Asp Val Val Ile Leu Pro Ala Phe Gly
180 185 190

Ala Gly Val Asp Glu Met Tyr Val Leu Asn Asp Lys Lys Val Gln Ile
195 200 205

Val Asp Thr Thr Cys Pro Trp Val Thr Lys Val Trp Asn Thr Val Glu
210 215 220

Lys His Lys Lys Gly Glu Tyr Thr Ser Val Ile His Gly Lys Tyr Asn
225 230 235 240

His Glu Glu Thr Ile Ala Thr Ala Ser Phe Ala Gly Lys Tyr Ile Ile
245 250 255

Val Lys Asn Met Lys Glu Ala Asn Tyr Val Cys Asp Tyr Ile Leu Gly
260 265 270

Gly Gln Tyr Asp Gly Ser Ser Ser Thr Lys Glu Glu Phe Met Glu Lys
275 280 285

Phe Lys Tyr Ala Ile Ser Lys Gly Phe Asp Pro Asp Asn Asp Leu Val
290 295 300

Lys Val Gly Ile Ala Asn Gln Thr Thr Met Leu Lys Gly Glu Thr Glu
305 310 315 320

Glu Ile Gly Arg Leu Leu Glu Thr Thr Met Met Arg Lys Tyr Gly Val
325 330 335

Glu Asn Val Ser Gly His Phe Ile Ser Phe Asn Thr Ile Cys Asp Ala
340 345 350

Thr Gln Glu Arg Gln Asp Ala Ile Tyr Glu Leu Val Glu Glu Lys Ile
355 360 365

Asp Leu Met Leu Val Val Gly Gly Trp Asn Ser Ser Asn Thr Ser His
370 375 380

Leu Gln Glu Ile Ser Glu Ala Arg Gly Ile Pro Ser Tyr Trp Ile Asp
385 390 395 400

Ser Glu Lys Arg Ile Gly Pro Gly Asn Lys Ile Ala Tyr Lys Leu His
405 410 415

Tyr Gly Glu Leu Val Glu Lys Glu Asn Phe Leu Pro Lys Gly Pro Ile
420 425 430

Thr Ile Gly Val Thr Ser Gly Ala Ser Thr Pro Asp Lys Val Val Glu
435 440 445

Asp Ala Leu Val Lys Val Phe Asp Ile Lys Arg Glu Glu Leu Leu Gln
450 455 460

Leu Ala
465

<210> 57

<211> 2160

<212> DNA

<213> Lycopersicon esculentum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(2160)

<223>

<400> 57

atg gct ttg tgt gct tat gca ttt cct ggg att ttg aac agg act ggt	48
Met Ala Leu Cys Ala Tyr Ala Phe Pro Gly Ile Leu Asn Arg Thr Gly	
1 5 10 15	

gtg gtt tca gat tct tct aag gca acc cct ttg ttc tct gga tgg att	96
Val Val Ser Asp Ser Ser Lys Ala Thr Pro Leu Phe Ser Gly Trp Ile	
20 25 30	

cat gga aca gat ctg cag ttt ttg ttc caa cac aag ctt act cat gag	144
His Gly Thr Asp Leu Gln Phe Leu Phe Gln His Lys Leu Thr His Glu	
35 40 45	

gtc aag aaa agg tca cgt gtg gtt cag gct tcc tta tca gaa tct gga	192
Val Lys Lys Arg Ser Arg Val Val Gln Ala Ser Leu Ser Glu Ser Gly	
50 55 60	

gaa tac tac aca cag aga ccg cca acg cct att ttg gac act gtg aac	240
Glu Tyr Tyr Thr Gln Arg Pro Pro Thr Pro Ile Leu Asp Thr Val Asn	
65 70 75 80	

tat ccc att cat atg aaa aat ctg tct ctg aag gaa ctt aaa caa cta	288
Tyr Pro Ile His Met Lys Asn Leu Ser Leu Lys Glu Leu Lys Gln Leu	
85 90 95	

gca gat gaa cta agg tca gat aca att ttc aat gta tca aag act ggg	336
Ala Asp Glu Leu Arg Ser Asp Thr Ile Phe Asn Val Ser Lys Thr Gly	
100 105 110	

ggc cac ctt ggc tca agt ctt ggt gtt gtt gag ctg act gtt gct ctt	384
Gly His Leu Gly Ser Ser Leu Gly Val Val Glu Leu Thr Val Ala Leu	
115 120 125	

cat tat gtc ttc aat gca ccg caa gat agg att ctc tgg gat gtt ggt	432
His Tyr Val Phe Asn Ala Pro Gln Asp Arg Ile Leu Trp Asp Val Gly	
130 135 140	

cat cag tct tat cct cac aaa atc ttg act ggt aga agg gac aag atg	480
His Gln Ser Tyr Pro His Lys Ile Leu Thr Gly Arg Arg Asp Lys Met	
145 150 155 160	

tcg aca tta agg cag aca gat ggt ctt gca gga ttt act aag cga tcg	528
Ser Thr Leu Arg Gln Thr Asp Gly Leu Ala Gly Phe Thr Lys Arg Ser	
165 170 175	

gag agt gaa tat gat tgc ttt ggc acc ggc cac agt tcc acc acc atc	576
---	-----

Glu	Ser	Glu	Tyr	Asp	Cys	Phe	Gly	Thr	Gly	His	Ser	Ser	Thr	Thr	Ile		
			180					185						190			
tca	gca	ggc	cta	ggg	atg	gct	ggt	ggt	aga	gat	cta	aaa	gga	aga	aac	624	
Ser	Ala	Gly	Leu	Gly	Met	Ala	Val	Gly	Arg	Asp	Leu	Lys	Gly	Arg	Asn		
		195					200					205					
aac	aat	ggt	att	gcc	gta	ata	ggt	gat	ggt	gcc	atg	aca	gca	ggt	caa	672	
Asn	Asn	Val	Ile	Ala	Val	Ile	Gly	Asp	Gly	Ala	Met	Thr	Ala	Gly	Gln		
		210					215				220						
gct	tat	gaa	gcc	atg	aat	aat	gct	ggt	tac	ctg	gac	tct	gac	atg	att	720	
Ala	Tyr	Glu	Ala	Met	Asn	Asn	Ala	Gly	Tyr	Leu	Asp	Ser	Asp	Met	Ile		
225					230					235					240		
ggt	atc	tta	aac	gac	aat	aga	caa	ggt	tct	tta	cct	act	gct	act	ctg	768	
Val	Ile	Leu	Asn	Asp	Asn	Arg	Gln	Val	Ser	Leu	Pro	Thr	Ala	Thr	Leu		
				245					250						255		
gat	ggg	cca	ggt	gct	cct	ggt	gga	gct	cta	agt	agt	gct	ttg	agc	agg	816	
Asp	Gly	Pro	Val	Ala	Pro	Val	Gly	Ala	Leu	Ser	Ser	Ala	Leu	Ser	Arg		
			260					265					270				
tta	cag	tct	aat	agg	cct	ctc	aga	gaa	cta	aga	gaa	gtc	gca	aag	gga	864	
Leu	Gln	Ser	Asn	Arg	Pro	Leu	Arg	Glu	Leu	Arg	Glu	Val	Ala	Lys	Gly		
		275					280					285					
ggt	act	aag	cag	att	ggt	ggt	cct	atg	cat	gag	ctt	gct	gca	aaa	ggt	912	
Val	Thr	Lys	Gln	Ile	Gly	Gly	Pro	Met	His	Glu	Leu	Ala	Ala	Lys	Val		
	290					295					300						
gat	gaa	tat	gct	cgt	ggc	atg	att	agt	ggt	tct	gga	tca	aca	ttg	ttt	960	
Asp	Glu	Tyr	Ala	Arg	Gly	Met	Ile	Ser	Gly	Ser	Gly	Ser	Thr	Leu	Phe		
305					310					315					320		
gaa	gaa	ctt	gga	ctt	tac	tat	att	ggt	cct	gtg	gat	ggt	cac	aac	att	1008	
Glu	Glu	Leu	Gly	Leu	Tyr	Tyr	Ile	Gly	Pro	Val	Asp	Gly	His	Asn	Ile		
			325						330					335			
gat	gat	cta	att	gcg	att	ctc	aaa	gag	ggt	aga	agt	act	aaa	aca	aca	1056	
Asp	Asp	Leu	Ile	Ala	Ile	Leu	Lys	Glu	Val	Arg	Ser	Thr	Lys	Thr	Thr		
		340						345					350				
ggt	cca	gta	ctg	atc	cat	ggt	gtc	act	gag	aaa	ggc	aga	ggt	tat	cca	1104	
Gly	Pro	Val	Leu	Ile	His	Val	Val	Thr	Glu	Lys	Gly	Arg	Gly	Tyr	Pro		
		355					360					365					
tat	gct	gag	aga	gct	gca	gat	aag	tat	cat	gga	ggt	gcc	aag	ttt	gat	1152	
Tyr	Ala	Glu	Arg	Ala	Ala	Asp	Lys	Tyr	His	Gly	Val	Ala	Lys	Phe	Asp		
	370					375					380						
cca	gca	aca	gga	aag	caa	ttc	aaa	gcc	agt	gcc	aag	aca	cag	tcc	tat	1200	
Pro	Ala	Thr	Gly	Lys	Gln	Phe	Lys	Ala	Ser	Ala	Lys	Thr	Gln	Ser	Tyr		
385					390					395					400		
aca	aca	tat	ttt	gcc	gag	gct	tta	att	gca	gaa	gca	gaa	gca	gat	aaa	1248	

Thr	Thr	Tyr	Phe	Ala	Glu	Ala	Leu	Ile	Ala	Glu	Ala	Glu	Ala	Asp	Lys		
				405					410					415			
gac	att	gtt	gca	atc	cat	gct	gcc	atg	ggg	ggt	ggg	acc	gga	atg	aac	1296	
Asp	Ile	Val	Ala	Ile	His	Ala	Ala	Met	Gly	Gly	Gly	Thr	Gly	Met	Asn		
				420					425					430			
ctt	ttc	cat	cgt	cgc	ttc	cca	aca	agg	tgt	ttt	gat	gtt	gga	ata	gca	1344	
Leu	Phe	His	Arg	Arg	Phe	Pro	Thr	Arg	Cys	Phe	Asp	Val	Gly	Ile	Ala		
				435					440					445			
gaa	caa	cat	gca	gta	acc	ttt	gct	gct	gga	ttg	gct	tgt	gaa	ggc	att	1392	
Glu	Gln	His	Ala	Val	Thr	Phe	Ala	Ala	Gly	Leu	Ala	Cys	Glu	Gly	Ile		
				450					455					460			
aaa	cct	ttc	tgt	gca	atc	tat	tcg	tct	ttc	atg	cag	agg	gct	tat	gac	1440	
Lys	Pro	Phe	Cys	Ala	Ile	Tyr	Ser	Ser	Phe	Met	Gln	Arg	Ala	Tyr	Asp		
				465					470					475			480
cag	gta	gtg	cat	gac	gtt	gat	ttg	caa	aag	ctg	ccc	gtg	agg	ttt	gca	1488	
Gln	Val	Val	His	Asp	Val	Asp	Leu	Gln	Lys	Leu	Pro	Val	Arg	Phe	Ala		
				485					490					495			
atg	gac	aga	gca	ggt	ctt	gtt	gga	gca	gat	ggt	cca	aca	cat	tgt	ggt	1536	
Met	Asp	Arg	Ala	Gly	Leu	Val	Gly	Ala	Asp	Gly	Pro	Thr	His	Cys	Gly		
				500					505					510			
gca	ttt	gat	gtt	act	tac	atg	gca	tgt	ctt	cct	aac	atg	gtt	gta	atg	1584	
Ala	Phe	Asp	Val	Thr	Tyr	Met	Ala	Cys	Leu	Pro	Asn	Met	Val	Val	Met		
				515					520					525			
gct	cct	tct	gat	gaa	gcg	gag	cta	ttt	cac	atg	gta	gca	act	gct	gcc	1632	
Ala	Pro	Ser	Asp	Glu	Ala	Glu	Leu	Phe	His	Met	Val	Ala	Thr	Ala	Ala		
				530					535					540			
gcc	att	gat	gac	aga	cca	agt	tgt	ttt	aga	tac	cca	aga	gga	aat	ggg	1680	
Ala	Ile	Asp	Asp	Arg	Pro	Ser	Cys	Phe	Arg	Tyr	Pro	Arg	Gly	Asn	Gly		
				545					550					555			560
atc	ggt	gta	gag	ctt	ccg	gct	gga	aac	aaa	gga	att	cct	ctt	gag	gtt	1728	
Ile	Gly	Val	Glu	Leu	Pro	Ala	Gly	Asn	Lys	Gly	Ile	Pro	Leu	Glu	Val		
				565					570					575			
ggt	aaa	ggt	agg	ata	ttg	att	gag	ggg	gag	aga	gtg	gct	cta	ttg	gga	1776	
Gly	Lys	Gly	Arg	Ile	Leu	Ile	Glu	Gly	Glu	Arg	Val	Ala	Leu	Leu	Gly		
				580					585					590			
tat	ggc	tca	gca	gtg	cag	aac	tgt	ttg	gat	gct	gct	att	gtg	cta	gaa	1824	
Tyr	Gly	Ser	Ala	Val	Gln	Asn	Cys	Leu	Asp	Ala	Ala	Ile	Val	Leu	Glu		
				595					600					605			
tcc	cgc	ggc	tta	caa	gta	aca	gtt	gca	gat	gca	cgt	ttc	tgc	aaa	cca	1872	
Ser	Arg	Gly	Leu	Gln	Val	Thr	Val	Ala	Asp	Ala	Arg	Phe	Cys	Lys	Pro		
				610					615					620			
ctg	gac	cat	gcc	ctc	ata	agg	agc	ctt	gca	aaa	tca	cat	gaa	gtg	cta	1920	

Leu Asp His Ala Leu Ile Arg Ser Leu Ala Lys Ser His Glu Val Leu
 625 630 635 640
 atc act gtc gaa gaa gga tca att gga ggt ttt gga tct cat gtt gtt 1968
 Ile Thr Val Glu Glu Gly Ser Ile Gly Gly Phe Gly Ser His Val Val
 645 650 655
 cag ttc atg gcc tta gat ggg ctt ctt gat ggc aag ttg aag tgg aga 2016
 Gln Phe Met Ala Leu Asp Gly Leu Leu Asp Gly Lys Leu Lys Trp Arg
 660 665 670
 cca ata gtt ctt cct gat cga tac att gac cat gga tct cct gtt gat 2064
 Pro Ile Val Leu Pro Asp Arg Tyr Ile Asp His Gly Ser Pro Val Asp
 675 680 685
 cag ttg gcg gaa gct ggc cta aca cca tct cac att gca gca aca gta 2112
 Gln Leu Ala Glu Ala Gly Leu Thr Pro Ser His Ile Ala Ala Thr Val
 690 695 700
 ttt aac ata ctt gga caa acc aga gag gct cta gag gtc atg aca taa 2160
 Phe Asn Ile Leu Gly Gln Thr Arg Glu Ala Leu Glu Val Met Thr
 705 710 715
 <210> 58
 <211> 719
 <212> PRT
 <213> Lycopersicon esculentum
 <400> 58
 Met Ala Leu Cys Ala Tyr Ala Phe Pro Gly Ile Leu Asn Arg Thr Gly
 1 5 10 15
 Val Val Ser Asp Ser Ser Lys Ala Thr Pro Leu Phe Ser Gly Trp Ile
 20 25 30
 His Gly Thr Asp Leu Gln Phe Leu Phe Gln His Lys Leu Thr His Glu
 35 40 45
 Val Lys Lys Arg Ser Arg Val Val Gln Ala Ser Leu Ser Glu Ser Gly
 50 55 60
 Glu Tyr Tyr Thr Gln Arg Pro Pro Thr Pro Ile Leu Asp Thr Val Asn
 65 70 75 80

Tyr Pro Ile His Met Lys Asn Leu Ser Leu Lys Glu Leu Lys Gln Leu
 85 90 95

Ala Asp Glu Leu Arg Ser Asp Thr Ile Phe Asn Val Ser Lys Thr Gly
 100 105 110

Gly His Leu Gly Ser Ser Leu Gly Val Val Glu Leu Thr Val Ala Leu
 115 120 125

His Tyr Val Phe Asn Ala Pro Gln Asp Arg Ile Leu Trp Asp Val Gly
 130 135 140

His Gln Ser Tyr Pro His Lys Ile Leu Thr Gly Arg Arg Asp Lys Met
 145 150 155 160

Ser Thr Leu Arg Gln Thr Asp Gly Leu Ala Gly Phe Thr Lys Arg Ser
 165 170 175

Glu Ser Glu Tyr Asp Cys Phe Gly Thr Gly His Ser Ser Thr Thr Ile
 180 185 190

Ser Ala Gly Leu Gly Met Ala Val Gly Arg Asp Leu Lys Gly Arg Asn
 195 200 205

Asn Asn Val Ile Ala Val Ile Gly Asp Gly Ala Met Thr Ala Gly Gln
 210 215 220

Ala Tyr Glu Ala Met Asn Asn Ala Gly Tyr Leu Asp Ser Asp Met Ile
 225 230 235 240

Val Ile Leu Asn Asp Asn Arg Gln Val Ser Leu Pro Thr Ala Thr Leu
 245 250 255

Asp Gly Pro Val Ala Pro Val Gly Ala Leu Ser Ser Ala Leu Ser Arg
 260 265 270

Leu Gln Ser Asn Arg Pro Leu Arg Glu Leu Arg Glu Val Ala Lys Gly
 275 280 285

Val Thr Lys Gln Ile Gly Gly Pro Met His Glu Leu Ala Ala Lys Val
 290 295 300

105

Asp Glu Tyr Ala Arg Gly Met Ile Ser Gly Ser Gly Ser Thr Leu Phe
305 310 315 320

Glu Glu Leu Gly Leu Tyr Tyr Ile Gly Pro Val Asp Gly His Asn Ile
325 330 335

Asp Asp Leu Ile Ala Ile Leu Lys Glu Val Arg Ser Thr Lys Thr Thr
340 345 350

Gly Pro Val Leu Ile His Val Val Thr Glu Lys Gly Arg Gly Tyr Pro
355 360 365

Tyr Ala Glu Arg Ala Ala Asp Lys Tyr His Gly Val Ala Lys Phe Asp
370 375 380

Pro Ala Thr Gly Lys Gln Phe Lys Ala Ser Ala Lys Thr Gln Ser Tyr
385 390 395 400

Thr Thr Tyr Phe Ala Glu Ala Leu Ile Ala Glu Ala Glu Ala Asp Lys
405 410 415

Asp Ile Val Ala Ile His Ala Ala Met Gly Gly Gly Thr Gly Met Asn
420 425 430

Leu Phe His Arg Arg Phe Pro Thr Arg Cys Phe Asp Val Gly Ile Ala
435 440 445

Glu Gln His Ala Val Thr Phe Ala Ala Gly Leu Ala Cys Glu Gly Ile
450 455 460

Lys Pro Phe Cys Ala Ile Tyr Ser Ser Phe Met Gln Arg Ala Tyr Asp
465 470 475 480

Gln Val Val His Asp Val Asp Leu Gln Lys Leu Pro Val Arg Phe Ala
485 490 495

Met Asp Arg Ala Gly Leu Val Gly Ala Asp Gly Pro Thr His Cys Gly
500 505 510

Ala Phe Asp Val Thr Tyr Met Ala Cys Leu Pro Asn Met Val Val Met
515 520 525

Ala Pro Ser Asp Glu Ala Glu Leu Phe His Met Val Ala Thr Ala Ala
530 535 540

Ala Ile Asp Asp Arg Pro Ser Cys Phe Arg Tyr Pro Arg Gly Asn Gly
545 550 555 560

Ile Gly Val Glu Leu Pro Ala Gly Asn Lys Gly Ile Pro Leu Glu Val
565 570 575

Gly Lys Gly Arg Ile Leu Ile Glu Gly Glu Arg Val Ala Leu Leu Gly
580 585 590

Tyr Gly Ser Ala Val Gln Asn Cys Leu Asp Ala Ala Ile Val Leu Glu
595 600 605

Ser Arg Gly Leu Gln Val Thr Val Ala Asp Ala Arg Phe Cys Lys Pro
610 615 620

Leu Asp His Ala Leu Ile Arg Ser Leu Ala Lys Ser His Glu Val Leu
625 630 635 640

Ile Thr Val Glu Glu Gly Ser Ile Gly Gly Phe Gly Ser His Val Val
645 650 655

Gln Phe Met Ala Leu Asp Gly Leu Leu Asp Gly Lys Leu Lys Trp Arg
660 665 670

Pro Ile Val Leu Pro Asp Arg Tyr Ile Asp His Gly Ser Pro Val Asp
675 680 685

Gln Leu Ala Glu Ala Gly Leu Thr Pro Ser His Ile Ala Ala Thr Val
690 695 700

Phe Asn Ile Leu Gly Gln Thr Arg Glu Ala Leu Glu Val Met Thr
705 710 715

<210> 59

<211> 1434

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1434)

<223>

<400> 59

atg atg aca tta aac tca cta tct cca gct gaa tcc aaa gct att tct	48
Met Met Thr Leu Asn Ser Leu Ser Pro Ala Glu Ser Lys Ala Ile Ser	
1 5 10 15	
ttc ttg gat acc tcc agg ttc aat cca atc cct aaa ctc tca ggt ggg	96
Phe Leu Asp Thr Ser Arg Phe Asn Pro Ile Pro Lys Leu Ser Gly Gly	
20 25 30	
ttt agt ttg agg agg agg aat caa ggg aga ggt ttt gga aaa ggt gtt	144
Phe Ser Leu Arg Arg Arg Asn Gln Gly Arg Gly Phe Gly Lys Gly Val	
35 40 45	
aag tgt tca gtg aaa gtg cag cag caa caa caa cct cct cca gca tgg	192
Lys Cys Ser Val Lys Val Gln Gln Gln Gln Gln Pro Pro Pro Ala Trp	
50 55 60	
cct ggg aga gct gtc cct gag gcg cct cgt caa tct tgg gat gga cca	240
Pro Gly Arg Ala Val Pro Glu Ala Pro Arg Gln Ser Trp Asp Gly Pro	
65 70 75 80	
aaa ccc atc tct atc gtt gga tct act ggt tct att ggc act cag aca	288
Lys Pro Ile Ser Ile Val Gly Ser Thr Gly Ser Ile Gly Thr Gln Thr	
85 90 95	
ttg gat att gtg gct gag aat cct gac aaa ttc aga gtt gtg gct cta	336
Leu Asp Ile Val Ala Glu Asn Pro Asp Lys Phe Arg Val Val Ala Leu	
100 105 110	
gct gct ggt tgc aat gtt act cta ctt gct gat cag gta agg aga ttt	384
Ala Ala Gly Ser Asn Val Thr Leu Leu Ala Asp Gln Val Arg Arg Phe	
115 120 125	
aag cct gca ttg gtt gct gtt aga aac gag tca ctg att aat gag ctt	432
Lys Pro Ala Leu Val Ala Val Arg Asn Glu Ser Leu Ile Asn Glu Leu	
130 135 140	
aaa gag gct tta gct gat ttg gac tat aaa ctc gag att att cca gga	480
Lys Glu Ala Leu Ala Asp Leu Asp Tyr Lys Leu Glu Ile Ile Pro Gly	
145 150 155 160	
gag caa gga gtg att gag gtt gcc cga cat cct gaa gct gta acc gtt	528
Glu Gln Gly Val Ile Glu Val Ala Arg His Pro Glu Ala Val Thr Val	
165 170 175	

gtt acc gga ata gta ggt tgt gcg gga cta aag cct acg gtt gct gca Val Thr Gly Ile Val Gly Cys Ala Gly Leu Lys Pro Thr Val Ala Ala 180 185 190	576
att gaa gca gga aag gac att gct ctt gca aac aaa gag aca tta atc Ile Glu Ala Gly Lys Asp Ile Ala Leu Ala Asn Lys Glu Thr Leu Ile 195 200 205	624
gca ggt ggt cct ttc gtg ctt ccg ctt gcc aac aaa cat aat gta aag Ala Gly Gly Pro Phe Val Leu Pro Leu Ala Asn Lys His Asn Val Lys 210 215 220	672
att ctt ccg gca gat tca gaa cat tct gcc ata ttt cag tgt att caa Ile Leu Pro Ala Asp Ser Glu His Ser Ala Ile Phe Gln Cys Ile Gln 225 230 235 240	720
ggt ttg cct gaa ggc gct ctg cgc aag ata atc ttg act gca tct ggt Gly Leu Pro Glu Gly Ala Leu Arg Lys Ile Ile Leu Thr Ala Ser Gly 245 250 255	768
gga gct ttt agg gat tgg cct gtc gaa aag cta aag gaa gtt aaa gta Gly Ala Phe Arg Asp Trp Pro Val Glu Lys Leu Lys Glu Val Lys Val 260 265 270	816
gcg gat gcg ttg aag cat cca aac tgg aac atg gga aag aaa atc act Ala Asp Ala Leu Lys His Pro Asn Trp Asn Met Gly Lys Lys Ile Thr 275 280 285	864
gtg gac tct gct acg ctt ttc aac aag ggt ctt gag gtc att gaa gcg Val Asp Ser Ala Thr Leu Phe Asn Lys Gly Leu Glu Val Ile Glu Ala 290 295 300	912
cat tat ttg ttt gga gct gag tat gac gat ata gag att gtc att cat His Tyr Leu Phe Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Ile Glu Ile Val Ile His 305 310 315 320	960
ccg caa agt atc ata cat tcc atg att gaa aca cag gat tca tct gtg Pro Gln Ser Ile Ile His Ser Met Ile Glu Thr Gln Asp Ser Ser Val 325 330 335	1008
ctt gct caa ttg ggt tgg cct gat atg cgt tta ccg att ctc tac acc Leu Ala Gln Leu Gly Trp Pro Asp Met Arg Leu Pro Ile Leu Tyr Thr 340 345 350	1056
atg tca tgg ccc gat aga gtt cct tgt tct gaa gta act tgg cca aga Met Ser Trp Pro Asp Arg Val Pro Cys Ser Glu Val Thr Trp Pro Arg 355 360 365	1104
ctt gac ctt tgc aaa ctc ggt tca ttg act ttc aag aaa cca gac aat Leu Asp Leu Cys Lys Leu Gly Ser Leu Thr Phe Lys Lys Pro Asp Asn 370 375 380	1152
gtg aaa tac cca tcc atg gat ctt gct tat gct gct gga cga gct gga Val Lys Tyr Pro Ser Met Asp Leu Ala Tyr Ala Ala Gly Arg Ala Gly 385 390 395 400	1200

ggc aca atg act gga gtt ctc agc gcc gcc aat gag aaa gct gtt gaa 1248
 Gly Thr Met Thr Gly Val Leu Ser Ala Ala Asn Glu Lys Ala Val Glu
 405 410 415
 atg ttc att gat gaa aag ata agc tat ttg gat atc ttc aag gtt gtg 1296
 Met Phe Ile Asp Glu Lys Ile Ser Tyr Leu Asp Ile Phe Lys Val Val
 420 425 430
 gaa tta aca tgc gat aaa cat cga aac gag ttg gta aca tca ccg tct 1344
 Glu Leu Thr Cys Asp Lys His Arg Asn Glu Leu Val Thr Ser Pro Ser
 435 440 445
 ctt gaa gag att gtt cac tat gac ttg tgg gca cgt gaa tat gcc gcg 1392
 Leu Glu Glu Ile Val His Tyr Asp Leu Trp Ala Arg Glu Tyr Ala Ala
 450 455 460
 aat gtg cag ctt tct tct ggt gct agg cca gtt cat gca tga 1434
 Asn Val Gln Leu Ser Ser Gly Ala Arg Pro Val His Ala
 465 470 475

<210> 60

<211> 477

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 60

Met Met Thr Leu Asn Ser Leu Ser Pro Ala Glu Ser Lys Ala Ile Ser
 1 5 10 15
 Phe Leu Asp Thr Ser Arg Phe Asn Pro Ile Pro Lys Leu Ser Gly Gly
 20 25 30
 Phe Ser Leu Arg Arg Arg Asn Gln Gly Arg Gly Phe Gly Lys Gly Val
 35 40 45
 Lys Cys Ser Val Lys Val Gln Gln Gln Gln Gln Pro Pro Pro Ala Trp
 50 55 60
 Pro Gly Arg Ala Val Pro Glu Ala Pro Arg Gln Ser Trp Asp Gly Pro
 65 70 75 80
 Lys Pro Ile Ser Ile Val Gly Ser Thr Gly Ser Ile Gly Thr Gln Thr
 85 90 95

Leu Asp Ile Val Ala Glu Asn Pro Asp Lys Phe Arg Val Val Ala Leu
 100 105 110

Ala Ala Gly Ser Asn Val Thr Leu Leu Ala Asp Gln Val Arg Arg Phe
 115 120 125

Lys Pro Ala Leu Val Ala Val Arg Asn Glu Ser Leu Ile Asn Glu Leu
 130 135 140

Lys Glu Ala Leu Ala Asp Leu Asp Tyr Lys Leu Glu Ile Ile Pro Gly
 145 150 155 160

Glu Gln Gly Val Ile Glu Val Ala Arg His Pro Glu Ala Val Thr Val
 165 170 175

Val Thr Gly Ile Val Gly Cys Ala Gly Leu Lys Pro Thr Val Ala Ala
 180 185 190

Ile Glu Ala Gly Lys Asp Ile Ala Leu Ala Asn Lys Glu Thr Leu Ile
 195 200 205

Ala Gly Gly Pro Phe Val Leu Pro Leu Ala Asn Lys His Asn Val Lys
 210 215 220

Ile Leu Pro Ala Asp Ser Glu His Ser Ala Ile Phe Gln Cys Ile Gln
 225 230 235 240

Gly Leu Pro Glu Gly Ala Leu Arg Lys Ile Ile Leu Thr Ala Ser Gly
 245 250 255

Gly Ala Phe Arg Asp Trp Pro Val Glu Lys Leu Lys Glu Val Lys Val
 260 265 270

Ala Asp Ala Leu Lys His Pro Asn Trp Asn Met Gly Lys Lys Ile Thr
 275 280 285

Val Asp Ser Ala Thr Leu Phe Asn Lys Gly Leu Glu Val Ile Glu Ala
 290 295 300

His Tyr Leu Phe Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Ile Glu Ile Val Ile His
 305 310 315 320

Pro Gln Ser Ile Ile His Ser Met Ile Glu Thr Gln Asp Ser Ser Val
325 330 335

Leu Ala Gln Leu Gly Trp Pro Asp Met Arg Leu Pro Ile Leu Tyr Thr
340 345 350

Met Ser Trp Pro Asp Arg Val Pro Cys Ser Glu Val Thr Trp Pro Arg
355 360 365

Leu Asp Leu Cys Lys Leu Gly Ser Leu Thr Phe Lys Lys Pro Asp Asn
370 375 380

Val Lys Tyr Pro Ser Met Asp Leu Ala Tyr Ala Ala Gly Arg Ala Gly
385 390 395 400

Gly Thr Met Thr Gly Val Leu Ser Ala Ala Asn Glu Lys Ala Val Glu
405 410 415

Met Phe Ile Asp Glu Lys Ile Ser Tyr Leu Asp Ile Phe Lys Val Val
420 425 430

Glu Leu Thr Cys Asp Lys His Arg Asn Glu Leu Val Thr Ser Pro Ser
435 440 445

Leu Glu Glu Ile Val His Tyr Asp Leu Trp Ala Arg Glu Tyr Ala Ala
450 455 460

Asn Val Gln Leu Ser Ser Gly Ala Arg Pro Val His Ala
465 470 475

<210> 61

<211> 884

<212> DNA

<213> Adonis palaestina clone ApIPI28

<220>

<221> CDS

<222> (180)..(884)

<223>

<400> 61

```

cgtcgatcag gattaatcct ttatatagta ttttctccac caccactaaa acattatcag      60
cttcgtgttc ttctcccgct gttcatcttc agcagcggtg tcgtactctt tctatttctt    120
cttccatcac taacagtcct cgccgagggt tgaatcggtt gttcgctca acgtcgact      179
atg ggt gaa gtc gct gat gct ggt atg gat gcc gtc cag aag cgg ctt      227
Met Gly Glu Val Ala Asp Ala Gly Met Asp Ala Val Gln Lys Arg Leu
1           5           10           15
atg ttc gac gat gaa tgt att ttg gtg gat gag aat gac aag gtc gtc      275
Met Phe Asp Asp Glu Cys Ile Leu Val Asp Glu Asn Asp Lys Val Val
           20           25           30
gga cat gat tcc aaa tac aac tgt cat ttg atg gaa aag ata gag gca      323
Gly His Asp Ser Lys Tyr Asn Cys His Leu Met Glu Lys Ile Glu Ala
           35           40           45
gaa aac ttg ctt cac aga gcc ttc agt gtt ttc tta ttc aac tca aaa      371
Glu Asn Leu Leu His Arg Ala Phe Ser Val Phe Leu Phe Asn Ser Lys
           50           55           60
tac gag ttg ctt ctt cag caa cga tct gca acg aag gta aca ttc ccg      419
Tyr Glu Leu Leu Leu Gln Gln Arg Ser Ala Thr Lys Val Thr Phe Pro
65           70           75           80
ctc gta tgg aca aac acc tgt tgc agc cat ccc ctc ttc cgt gat tcc      467
Leu Val Trp Thr Asn Thr Cys Cys Ser His Pro Leu Phe Arg Asp Ser
           85           90           95
gaa ctc ata gaa gaa aat ttt ctc ggg gta cga aac gct gca caa agg      515
Glu Leu Ile Glu Glu Asn Phe Leu Gly Val Arg Asn Ala Ala Gln Arg
           100           105           110
aag ctt tta gac gag cta ggc att cca gct gaa gac gta cca gtt gat      563
Lys Leu Leu Asp Glu Leu Gly Ile Pro Ala Glu Asp Val Pro Val Asp
           115           120           125
gaa ttc act cct ctt ggt cgc att ctt tac aaa gct cca tct gac gga      611
Glu Phe Thr Pro Leu Gly Arg Ile Leu Tyr Lys Ala Pro Ser Asp Gly
           130           135           140
aaa tgg gga gag cac gaa ctg gac tat ctt ctg ttt att gtc cga gat      659
Lys Trp Gly Glu His Glu Leu Asp Tyr Leu Leu Phe Ile Val Arg Asp
145           150           155           160
gtg aaa tac gat cca aac cca gat gaa gtt gct gac gct aag tac gtt      707
Val Lys Tyr Asp Pro Asn Pro Asp Glu Val Ala Asp Ala Lys Tyr Val
           165           170           175

```

aat cgc gag gag ttg aaa gag ata ctg aga aaa gct gat gca ggt gaa 755
 Asn Arg Glu Glu Leu Lys Glu Ile Leu Arg Lys Ala Asp Ala Gly Glu
 180 185 190

gag gga ata aag ttg tct cct tgg ttt aga ttg gtt gtg gat aac ttt 803
 Glu Gly Ile Lys Leu Ser Pro Trp Phe Arg Leu Val Val Asp Asn Phe
 195 200 205

ttg ttc aag tgg tgg gat cat gta gag gag ggg aag att aag gac gtc 851
 Leu Phe Lys Trp Trp Asp His Val Glu Glu Gly Lys Ile Lys Asp Val
 210 215 220

gcc gac atg aaa act atc cac aag ttg act taa 884
 Ala Asp Met Lys Thr Ile His Lys Leu Thr
 225 230

<210> 62

<211> 234

<212> PRT

<213> Adonis palaestina clone ApIPI28

<400> 62

Met Gly Glu Val Ala Asp Ala Gly Met Asp Ala Val Gln Lys Arg Leu
 1 5 10 15

Met Phe Asp Asp Glu Cys Ile Leu Val Asp Glu Asn Asp Lys Val Val
 20 25 30

Gly His Asp Ser Lys Tyr Asn Cys His Leu Met Glu Lys Ile Glu Ala
 35 40 45

Glu Asn Leu Leu His Arg Ala Phe Ser Val Phe Leu Phe Asn Ser Lys
 50 55 60

Tyr Glu Leu Leu Leu Gln Gln Arg Ser Ala Thr Lys Val Thr Phe Pro
 65 70 75 80

Leu Val Trp Thr Asn Thr Cys Cys Ser His Pro Leu Phe Arg Asp Ser
 85 90 95

Glu Leu Ile Glu Glu Asn Phe Leu Gly Val Arg Asn Ala Ala Gln Arg
 100 105 110

Lys Leu Leu Asp Glu Leu Gly Ile Pro Ala Glu Asp Val Pro Val Asp
 115 120 125

Glu Phe Thr Pro Leu Gly Arg Ile Leu Tyr Lys Ala Pro Ser Asp Gly
 130 135 140

Lys Trp Gly Glu His Glu Leu Asp Tyr Leu Leu Phe Ile Val Arg Asp
 145 150 155 160

Val Lys Tyr Asp Pro Asn Pro Asp Glu Val Ala Asp Ala Lys Tyr Val
 165 170 175

Asn Arg Glu Glu Leu Lys Glu Ile Leu Arg Lys Ala Asp Ala Gly Glu
 180 185 190

Glu Gly Ile Lys Leu Ser Pro Trp Phe Arg Leu Val Val Asp Asn Phe
 195 200 205

Leu Phe Lys Trp Trp Asp His Val Glu Glu Gly Lys Ile Lys Asp Val
 210 215 220

Ala Asp Met Lys Thr Ile His Lys Leu Thr
 225 230

<210> 63

<211> 1402

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> CDS

<222> (52)..(1317)

<223>

<400> 63

aagtctttgac ctcttttggtt tactttcctc tgttttcgat ccatttagaa a atg tta

Met Leu

1

ttc acg agg agt gtt gct cgg att tct tct aag ttt ctg aga aac cgt	105
Phe Thr Arg Ser Val Ala Arg Ile Ser Ser Lys Phe Leu Arg Asn Arg	
5 10 15	
agc ttc tat ggc tcc tct caa tct ctc gcc tct cat cgg ttc gca atc	153
Ser Phe Tyr Gly Ser Ser Gln Ser Leu Ala Ser His Arg Phe Ala Ile	
20 25 30	
att ccc gat cag ggt cac tct tgt tct gac tct cca cac aag ggt tac	201
Ile Pro Asp Gln Gly His Ser Cys Ser Asp Ser Pro His Lys Gly Tyr	
35 40 45 50	
gtt tgc aga aca act tat tca ttg aaa tct cgg gtt ttt ggt gga ttt	249
Val Cys Arg Thr Thr Tyr Ser Leu Lys Ser Pro Val Phe Gly Gly Phe	
55 60 65	
agt cat caa ctc tat cac cag agt agc tcc ttg gtt gag gag gag ctt	297
Ser His Gln Leu Tyr His Gln Ser Ser Ser Leu Val Glu Glu Glu Leu	
70 75 80	
gac cca ttt tcg ctt gtt gcc gat gag ctg tca ctt ctt agt aat aag	345
Asp Pro Phe Ser Leu Val Ala Asp Glu Leu Ser Leu Leu Ser Asn Lys	
85 90 95	
ttg aga gag atg gta ctt gcc gag gtt cca aag ctt gcc tct gct gct	393
Leu Arg Glu Met Val Leu Ala Glu Val Pro Lys Leu Ala Ser Ala Ala	
100 105 110	
gag tac ttc ttc aaa agg ggt gtg caa gga aaa cag ttt cgt tca act	441
Glu Tyr Phe Phe Lys Arg Gly Val Gln Gly Lys Gln Phe Arg Ser Thr	
115 120 125 130	
att ttg ctg ctg atg gcg aca gct ctg gat gta cga gtt cca gaa gca	489
Ile Leu Leu Leu Met Ala Thr Ala Leu Asp Val Arg Val Pro Glu Ala	
135 140 145	
ttg att ggg gaa tca aca gat ata gtc aca tca gaa tta cgc gta agg	537
Leu Ile Gly Glu Ser Thr Asp Ile Val Thr Ser Glu Leu Arg Val Arg	
150 155 160	
caa cgg ggt att gct gaa atc act gaa atg ata cac gtc gca agt cta	585
Gln Arg Gly Ile Ala Glu Ile Thr Glu Met Ile His Val Ala Ser Leu	
165 170 175	
ctg cac gat gat gtc ttg gat gat gcc gat aca agg cgt ggt gtt ggt	633
Leu His Asp Asp Val Leu Asp Ala Asp Thr Arg Arg Gly Val Gly	
180 185 190	
tcc tta aat gtt gta atg ggt aac aag atg tcg gta tta gca gga gac	681
Ser Leu Asn Val Val Met Gly Asn Lys Met Ser Val Leu Ala Gly Asp	
195 200 205 210	
ttc ttg ctc tcc cgg gct tgt ggg gct ctc gct gct tta aag aac aca	729

Phe	Leu	Leu	Ser	Arg	Ala	Cys	Gly	Ala	Leu	Ala	Ala	Leu	Lys	Asn	Thr	
				215					220					225		
gag gtt gta gca tta ctt gca act gct gta gaa cat ctt gtt acc ggt 777																
Glu	Val	Val	Ala	Leu	Leu	Ala	Thr	Ala	Val	Glu	His	Leu	Val	Thr	Gly	
			230					235					240			
gaa acc atg gag ata act agt tca acc gag cag cgt tat agt atg gac 825																
Glu	Thr	Met	Glu	Ile	Thr	Ser	Ser	Thr	Glu	Gln	Arg	Tyr	Ser	Met	Asp	
		245					250					255				
tac tac atg cag aag aca tat tat aag aca gca tcg cta atc tct aac 873																
Tyr	Tyr	Met	Gln	Lys	Thr	Tyr	Tyr	Lys	Thr	Ala	Ser	Leu	Ile	Ser	Asn	
	260					265				270						
agc tgc aaa gct gtt gcc gtt ctc act gga caa aca gca gaa gtt gcc 921																
Ser	Cys	Lys	Ala	Val	Ala	Val	Leu	Thr	Gly	Gln	Thr	Ala	Glu	Val	Ala	
275				280						285				290		
gtg tta gct ttt gag tat ggg agg aat ctg ggt tta gca ttc caa tta 969																
Val	Leu	Ala	Phe	Glu	Tyr	Gly	Arg	Asn	Leu	Gly	Leu	Ala	Phe	Gln	Leu	
			295					300					305			
ata gac gac att ctt gat ttc acg ggc aca tct gcc tct ctc gga aag 1017																
Ile	Asp	Asp	Ile	Leu	Asp	Phe	Thr	Gly	Thr	Ser	Ala	Ser	Leu	Gly	Lys	
			310					315					320			
gga tcg ttg tca gat att cgc cat gga gtc ata aca gcc cca atc ctc 1065																
Gly	Ser	Leu	Ser	Asp	Ile	Arg	His	Gly	Val	Ile	Thr	Ala	Pro	Ile	Leu	
		325				330						335				
ttt gcc atg gaa gag ttt cct caa cta cgc gaa gtt gtt gat caa gtt 1113																
Phe	Ala	Met	Glu	Glu	Phe	Pro	Gln	Leu	Arg	Glu	Val	Val	Asp	Gln	Val	
	340					345					350					
gaa aaa gat cct agg aat gtt gac att gct tta gag tat ctt ggg aag 1161																
Glu	Lys	Asp	Pro	Arg	Asn	Val	Asp	Ile	Ala	Leu	Glu	Tyr	Leu	Gly	Lys	
355					360				365				370			
agc aag gga ata cag agg gca aga gaa tta gcc atg gaa cat gcg aat 1209																
Ser	Lys	Gly	Ile	Gln	Arg	Ala	Arg	Glu	Leu	Ala	Met	Glu	His	Ala	Asn	
			375					380				385				
cta gca gca gct gca atc ggg tct cta cct gaa aca gac aat gaa gat 1257																
Leu	Ala	Ala	Ala	Ala	Ile	Gly	Ser	Leu	Pro	Glu	Thr	Asp	Asn	Glu	Asp	
			390					395				400				
gtc aaa aga tcg agg cgg gca ctt att gac ttg acc cat aga gtc atc 1305																
Val	Lys	Arg	Ser	Arg	Arg	Ala	Leu	Ile	Asp	Leu	Thr	His	Arg	Val	Ile	
		405				410					415					
acc aga aac aag tgagattaag taatgtttct ctctatacac caaaacattc 1357																
Thr	Arg	Asn	Lys													
	420															
ctcatttcatt ttgtaggatt ttgttggtcc aattcgtttc acgaa 1402																

<210> 64

<211> 422

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 64

Met Leu Phe Thr Arg Ser Val Ala Arg Ile Ser Ser Lys Phe Leu Arg
 1 5 10 15

Asn Arg Ser Phe Tyr Gly Ser Ser Gln Ser Leu Ala Ser His Arg Phe
 20 25 30

Ala Ile Ile Pro Asp Gln Gly His Ser Cys Ser Asp Ser Pro His Lys
 35 40 45

Gly Tyr Val Cys Arg Thr Thr Tyr Ser Leu Lys Ser Pro Val Phe Gly
 50 55 60

Gly Phe Ser His Gln Leu Tyr His Gln Ser Ser Ser Leu Val Glu Glu
 65 70 75 80

Glu Leu Asp Pro Phe Ser Leu Val Ala Asp Glu Leu Ser Leu Leu Ser
 85 90 95

Asn Lys Leu Arg Glu Met Val Leu Ala Glu Val Pro Lys Leu Ala Ser
 100 105 110

Ala Ala Glu Tyr Phe Phe Lys Arg Gly Val Gln Gly Lys Gln Phe Arg
 115 120 125

Ser Thr Ile Leu Leu Leu Met Ala Thr Ala Leu Asp Val Arg Val Pro
 130 135 140

Glu Ala Leu Ile Gly Glu Ser Thr Asp Ile Val Thr Ser Glu Leu Arg
 145 150 155 160

Val Arg Gln Arg Gly Ile Ala Glu Ile Thr Glu Met Ile His Val Ala
 165 170 175

Ser Leu Leu His Asp Asp Val Leu Asp Asp Ala Asp Thr Arg Arg Gly
 180 185 190

Val Gly Ser Leu Asn Val Val Met Gly Asn Lys Met Ser Val Leu Ala
 195 200 205

Gly Asp Phe Leu Leu Ser Arg Ala Cys Gly Ala Leu Ala Ala Leu Lys
 210 215 220

Asn Thr Glu Val Val Ala Leu Leu Ala Thr Ala Val Glu His Leu Val
 225 230 235 240

Thr Gly Glu Thr Met Glu Ile Thr Ser Ser Thr Glu Gln Arg Tyr Ser
 245 250 255

Met Asp Tyr Tyr Met Gln Lys Thr Tyr Tyr Lys Thr Ala Ser Leu Ile
 260 265 270

Ser Asn Ser Cys Lys Ala Val Ala Val Leu Thr Gly Gln Thr Ala Glu
 275 280 285

Val Ala Val Leu Ala Phe Glu Tyr Gly Arg Asn Leu Gly Leu Ala Phe
 290 295 300

Gln Leu Ile Asp Asp Ile Leu Asp Phe Thr Gly Thr Ser Ala Ser Leu
 305 310 315 320

Gly Lys Gly Ser Leu Ser Asp Ile Arg His Gly Val Ile Thr Ala Pro
 325 330 335

Ile Leu Phe Ala Met Glu Glu Phe Pro Gln Leu Arg Glu Val Val Asp
 340 345 350

Gln Val Glu Lys Asp Pro Arg Asn Val Asp Ile Ala Leu Glu Tyr Leu
 355 360 365

Gly Lys Ser Lys Gly Ile Gln Arg Ala Arg Glu Leu Ala Met Glu His
 370 375 380

Ala Asn Leu Ala Ala Ala Ala Ile Gly Ser Leu Pro Glu Thr Asp Asn
 385 390 395 400

Glu Asp Val Lys Arg Ser Arg Arg Ala Leu Ile Asp Leu Thr His Arg
 405 410 415

Val Ile Thr Arg Asn Lys
 420

<210> 65

<211> 1155

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1155)

<223>

<400> 65

atg agt gtg agt tgt tgt tgt agg aat ctg ggc aag aca ata aaa aag 48
 Met Ser Val Ser Cys Cys Arg Asn Leu Gly Lys Thr Ile Lys Lys
 1 5 10 15

gca ata cct tca cat cat ttg cat ctg aga agt ctt ggt ggg agt ctc 96
 Ala Ile Pro Ser His His Leu His Leu Arg Ser Leu Gly Gly Ser Leu
 20 25 30

tat cgt cgt cgt atc caa agc tct tca atg gag acc gat ctc aag tca 144
 Tyr Arg Arg Arg Ile Gln Ser Ser Ser Met Glu Thr Asp Leu Lys Ser
 35 40 45

acc ttt ctc aac gtt tat tct gtt ctc aag tct gac ctt ctt cat gac 192
 Thr Phe Leu Asn Val Tyr Ser Val Leu Lys Ser Asp Leu Leu His Asp
 50 55 60

cct tcc ttc gaa ttc acc aat gaa tct cgt ctc tgg gtt gat cgg atg 240
 Pro Ser Phe Glu Phe Thr Asn Glu Ser Arg Leu Trp Val Asp Arg Met
 65 70 75 80

ctg gac tac aat gta cgt gga ggg aaa ctc aat cgg ggt ctc tct gtt 288
 Leu Asp Tyr Asn Val Arg Gly Gly Lys Leu Asn Arg Gly Leu Ser Val
 85 90 95

gtt gac agt ttc aaa ctt ttg aag caa ggc aat gat ttg act gag caa 336

Val Asp Ser Phe Lys Leu Leu Lys Gln Gly Asn Asp Leu Thr Glu Gln	
100 105 110	
gag gtt ttc ctc tct tgt gct ctc ggt tgg tgc att gaa tgg ctc caa	384
Glu Val Phe Leu Ser Cys Ala Leu Gly Trp Cys Ile Glu Trp Leu Gln	
115 120 125	
gct tat ttc ctt gtg ctt gat gat att atg gat aac tct gtc act cgc	432
Ala Tyr Phe Leu Val Leu Asp Asp Ile Met Asp Asn Ser Val Thr Arg	
130 135 140	
cgt ggt caa cct tgc tgg ttc aga gtt cct cag gtt ggt atg gtt gcc	480
Arg Gly Gln Pro Cys Trp Phe Arg Val Pro Gln Val Gly Met Val Ala	
145 150 155 160	
atc aat gat ggg att cta ctt cgc aat cac atc cac agg att ctc aaa	528
Ile Asn Asp Gly Ile Leu Leu Arg Asn His Ile His Arg Ile Leu Lys	
165 170 175	
aag cat ttc cgt gat aag cct tac tat gtt gac ctt gtt gat ttg ttt	576
Lys His Phe Arg Asp Lys Pro Tyr Tyr Val Asp Leu Val Asp Leu Phe	
180 185 190	
aat gag gtt gag ttg caa aca gct tgt ggc cag atg ata gat ttg atc	624
Asn Glu Val Glu Leu Gln Thr Ala Cys Gly Gln Met Ile Asp Leu Ile	
195 200 205	
acc acc ttt gaa gga gaa aag gat ttg gcc aag tac tca ttg tca atc	672
Thr Thr Phe Glu Gly Glu Lys Asp Leu Ala Lys Tyr Ser Leu Ser Ile	
210 215 220	
cac cgt cgt att gtc cag tac aaa acg gct tat tac tca ttt tat ctc	720
His Arg Arg Ile Val Gln Tyr Lys Thr Ala Tyr Tyr Ser Phe Tyr Leu	
225 230 235 240	
cct gtt gct tgt gcg ttg ctt atg gcg ggc gaa aat ttg gaa aac cat	768
Pro Val Ala Cys Ala Leu Leu Met Ala Gly Glu Asn Leu Glu Asn His	
245 250 255	
att gac gtg aaa aat gtt ctt gtt gac atg gga atc tac ttc caa gtg	816
Ile Asp Val Lys Asn Val Leu Val Asp Met Gly Ile Tyr Phe Gln Val	
260 265 270	
cag gat gat tat ctg gat tgt ttt gct gat ccc gag acg ctt ggc aag	864
Gln Asp Asp Tyr Leu Asp Cys Phe Ala Asp Pro Glu Thr Leu Gly Lys	
275 280 285	
ata gga aca gat ata gaa gat ttc aaa tgc tcg tgg ttg gtg gtt aag	912
Ile Gly Thr Asp Ile Glu Asp Phe Lys Cys Ser Trp Leu Val Val Lys	
290 295 300	
gca tta gag cgc tgc agc gaa gaa caa act aag ata tta tat gag aac	960
Ala Leu Glu Arg Cys Ser Glu Glu Gln Thr Lys Ile Leu Tyr Glu Asn	
305 310 315 320	
tat ggt aaa ccc gac cca tcg aac gtt gct aaa gtg aag gat ctc tac	1008

Tyr Gly Lys Pro Asp Pro Ser Asn Val Ala Lys Val Lys Asp Leu Tyr
 325 330 335
 aaa gag ctg gat ctt gag gga gtt ttc atg gag tat gag agc aaa agc 1056
 Lys Glu Leu Asp Leu Glu Gly Val Phe Met Glu Tyr Glu Ser Lys Ser
 340 345 350
 tac gag aag ctg act gga gcg att gag gga cac caa agt aaa gca atc 1104
 Tyr Glu Lys Leu Thr Gly Ala Ile Glu Gly His Gln Ser Lys Ala Ile
 355 360 365
 caa gca gtg cta aaa tcc ttc ttg gct aag atc tac aag agg cag aag 1152
 Gln Ala Val Leu Lys Ser Phe Leu Ala Lys Ile Tyr Lys Arg Gln Lys
 370 375 380
 tag 1155

<210> 66

<211> 384

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 66

Met Ser Val Ser Cys Cys Cys Arg Asn Leu Gly Lys Thr Ile Lys Lys
 1 5 10 15

Ala Ile Pro Ser His His Leu His Leu Arg Ser Leu Gly Gly Ser Leu
 20 25 30

Tyr Arg Arg Arg Ile Gln Ser Ser Ser Met Glu Thr Asp Leu Lys Ser
 35 40 45

Thr Phe Leu Asn Val Tyr Ser Val Leu Lys Ser Asp Leu Leu His Asp
 50 55 60

Pro Ser Phe Glu Phe Thr Asn Glu Ser Arg Leu Trp Val Asp Arg Met
 65 70 75 80

Leu Asp Tyr Asn Val Arg Gly Gly Lys Leu Asn Arg Gly Leu Ser Val
 85 90 95

Val Asp Ser Phe Lys Leu Leu Lys Gln Gly Asn Asp Leu Thr Glu Gln
 100 105 110

Glu Val Phe Leu Ser Cys Ala Leu Gly Trp Cys Ile Glu Trp Leu Gln
 115 120 125

Ala Tyr Phe Leu Val Leu Asp Asp Ile Met Asp Asn Ser Val Thr Arg
 130 135 140

Arg Gly Gln Pro Cys Trp Phe Arg Val Pro Gln Val Gly Met Val Ala
 145 150 155 160

Ile Asn Asp Gly Ile Leu Leu Arg Asn His Ile His Arg Ile Leu Lys
 165 170 175

Lys His Phe Arg Asp Lys Pro Tyr Tyr Val Asp Leu Val Asp Leu Phe
 180 185 190

Asn Glu Val Glu Leu Gln Thr Ala Cys Gly Gln Met Ile Asp Leu Ile
 195 200 205

Thr Thr Phe Glu Gly Glu Lys Asp Leu Ala Lys Tyr Ser Leu Ser Ile
 210 215 220

His Arg Arg Ile Val Gln Tyr Lys Thr Ala Tyr Tyr Ser Phe Tyr Leu
 225 230 235 240

Pro Val Ala Cys Ala Leu Leu Met Ala Gly Glu Asn Leu Glu Asn His
 245 250 255

Ile Asp Val Lys Asn Val Leu Val Asp Met Gly Ile Tyr Phe Gln Val
 260 265 270

Gln Asp Asp Tyr Leu Asp Cys Phe Ala Asp Pro Glu Thr Leu Gly Lys
 275 280 285

Ile Gly Thr Asp Ile Glu Asp Phe Lys Cys Ser Trp Leu Val Val Lys
 290 295 300

Ala Leu Glu Arg Cys Ser Glu Glu Gln Thr Lys Ile Leu Tyr Glu Asn
 305 310 315 320

Tyr Gly Lys Pro Asp Pro Ser Asn Val Ala Lys Val Lys Asp Leu Tyr
 325 330 335

Lys Glu Leu Asp Leu Glu Gly Val Phe Met Glu Tyr Glu Ser Lys Ser
 340 345 350

Tyr Glu Lys Leu Thr Gly Ala Ile Glu Gly His Gln Ser Lys Ala Ile
 355 360 365

Gln Ala Val Leu Lys Ser Phe Leu Ala Lys Ile Tyr Lys Arg Gln Lys
 370 375 380

<210> 67

<211> 1101

<212> DNA

<213> Sinabs alba

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1101)

<223>

<400> 67
 atg gct tct tca gtg act cct cta ggt tca tgg gtt ctt ctt cac cat 48
 Met Ala Ser Ser Val Thr Pro Leu Gly Ser Trp Val Leu Leu His His
 1 5 10 15
 cat cct tca act atc tta acc caa tcc aga tcc aga tct cct cct tct 96
 His Pro Ser Thr Ile Leu Thr Gln Ser Arg Ser Arg Ser Pro Pro Ser
 20 25 30
 ctc atc acc ctt aaa ccc atc tcc ctc act cca aaa cgc acc gtt tcg 144
 Leu Ile Thr Leu Lys Pro Ile Ser Leu Thr Pro Lys Arg Thr Val Ser
 35 40 45
 tct tct tcc tcc tct tcc ctc atc acc aaa gaa gac aac aac ctc aaa 192
 Ser Ser Ser Ser Ser Ser Leu Ile Thr Lys Glu Asp Asn Asn Leu Lys
 50 55 60
 tcc tct tcc tct tcc ttc gat ttc atg tct tac atc atc cgc aaa gcc 240
 Ser Ser Ser Ser Ser Phe Asp Phe Met Ser Tyr Ile Ile Arg Lys Ala
 65 70 75 80
 gac tcc gtc aac aaa gcc tta gac tcc gcc gtc cct ctc cgg gag cca 288

Asp	Ser	Val	Asn	Lys	Ala	Leu	Asp	Ser	Ala	Val	Pro	Leu	Arg	Glu	Pro	
			85						90					95		
ctc	aag	atc	cac	gaa	gcg	atg	cgt	tac	tct	ctc	ctc	gcc	gga	gga	aaa	336
Leu	Lys	Ile	His	Glu	Ala	Met	Arg	Tyr	Ser	Leu	Leu	Ala	Gly	Gly	Lys	
			100					105					110			
cgc	gtc	aga	cca	gtt	ctc	tgc	atc	gcc	gcg	tgc	gag	cta	gtc	gga	gga	384
Arg	Val	Arg	Pro	Val	Leu	Cys	Ile	Ala	Ala	Cys	Glu	Leu	Val	Gly	Gly	
			115					120				125				
gaa	gag	tct	tta	gct	atg	ccg	gcg	cgt	tgc	gcc	gtg	gaa	atg	atc	cac	432
Glu	Glu	Ser	Leu	Ala	Met	Pro	Ala	Arg	Cys	Ala	Val	Glu	Met	Ile	His	
			130					135				140				
acc	atg	tcg	ttg	atc	cac	gac	gac	ttg	cct	tgt	atg	gat	aac	gac	gat	480
Thr	Met	Ser	Leu	Ile	His	Asp	Asp	Leu	Pro	Cys	Met	Asp	Asn	Asp	Asp	
					150					155					160	
ctc	cgc	cgc	gga	aag	ccc	acg	aat	cac	aaa	gtt	tac	ggc	gaa	gac	gtg	528
Leu	Arg	Arg	Gly	Lys	Pro	Thr	Asn	His	Lys	Val	Tyr	Gly	Glu	Asp	Val	
				165					170					175		
gcg	gtt	tta	gcc	gga	gac	gcg	ctt	ctt	tcg	ttc	gcc	ttc	gag	cat	tta	576
Ala	Val	Leu	Ala	Gly	Asp	Ala	Leu	Leu	Ser	Phe	Ala	Phe	Glu	His	Leu	
				180					185				190			
gcg	tcg	gct	acg	agc	tcg	gag	gtt	tct	ccg	gcg	aga	gtg	gtt	aga	gct	624
Ala	Ser	Ala	Thr	Ser	Ser	Glu	Val	Ser	Pro	Ala	Arg	Val	Val	Arg	Ala	
				195				200				205				
gtg	gga	gag	ttg	gct	aaa	gcc	atc	ggc	acc	gaa	ggg	ctc	gtg	gcg	gga	672
Val	Gly	Glu	Leu	Ala	Lys	Ala	Ile	Gly	Thr	Glu	Gly	Leu	Val	Ala	Gly	
				210				215				220				
caa	gtg	gtg	gat	ata	agc	agt	gaa	ggg	ttg	gac	tta	aac	aac	gtc	gga	720
Gln	Val	Val	Asp	Ile	Ser	Ser	Glu	Gly	Leu	Asp	Leu	Asn	Asn	Val	Gly	
					230				235					240		
ttg	gag	cat	ttg	aag	ttt	ata	cat	ttg	cat	aaa	acg	gcg	gcg	ttg	ctt	768
Leu	Glu	His	Leu	Lys	Phe	Ile	His	Leu	His	Lys	Thr	Ala	Ala	Leu	Leu	
					245				250					255		
gaa	gct	tca	gcg	gtt	ttg	ggt	ggg	atc	atc	ggt	gga	ggg	agt	gat	gaa	816
Glu	Ala	Ser	Ala	Val	Leu	Gly	Gly	Ile	Ile	Gly	Gly	Gly	Ser	Asp	Glu	
				260				265					270			
gag	atc	gag	agg	ctg	agg	aag	ttc	gcg	agg	tgt	att	ggg	ttg	ttg	ttt	864
Glu	Ile	Glu	Arg	Leu	Arg	Lys	Phe	Ala	Arg	Cys	Ile	Gly	Leu	Leu	Phe	
				275				280				285				
cag	gtg	gtt	gat	gat	atc	ttg	gac	gtg	acg	aaa	tcg	tct	caa	gaa	ctg	912
Gln	Val	Val	Asp	Asp	Ile	Leu	Asp	Val	Thr	Lys	Ser	Ser	Gln	Glu	Leu	
				290				295				300				
ggg	aaa	acc	gct	ggg	aaa	gat	ttg	att	gct	gat	aag	ttg	act	tat	ccg	960

Gly Lys Thr Ala Gly Lys Asp Leu Ile Ala Asp Lys Leu Thr Tyr Pro
 305 310 315 320

 aag ctc atg ggt ttg gag aaa tcg aga gag ttc gct gag aag ttg aat 1008
 Lys Leu Met Gly Leu Glu Lys Ser Arg Glu Phe Ala Glu Lys Leu Asn
 325 330 335

 aca gag gca cgt gat cag ctt tta ggg ttt gat tcc gac aag gtt gct 1056
 Thr Glu Ala Arg Asp Gln Leu Leu Gly Phe Asp Ser Asp Lys Val Ala
 340 345 350

 cct ttg ttg gct ttg gct aat tac att gcc aat aga cag aac tga 1101
 Pro Leu Leu Ala Leu Ala Asn Tyr Ile Ala Asn Arg Gln Asn
 355 360 365

<210> 68

<211> 366

<212> PRT

<213> Sinabs alba

<400> 68

Met Ala Ser Ser Val Thr Pro Leu Gly Ser Trp Val Leu Leu His His
 1 5 10 15

 His Pro Ser Thr Ile Leu Thr Gln Ser Arg Ser Arg Ser Pro Pro Ser
 20 25 30

 Leu Ile Thr Leu Lys Pro Ile Ser Leu Thr Pro Lys Arg Thr Val Ser
 35 40 45

 Ser Ser Ser Ser Ser Ser Leu Ile Thr Lys Glu Asp Asn Asn Leu Lys
 50 55 60

 Ser Ser Ser Ser Ser Phe Asp Phe Met Ser Tyr Ile Ile Arg Lys Ala
 65 70 75 80

 Asp Ser Val Asn Lys Ala Leu Asp Ser Ala Val Pro Leu Arg Glu Pro
 85 90 95

 Leu Lys Ile His Glu Ala Met Arg Tyr Ser Leu Leu Ala Gly Gly Lys
 100 105 110

Arg Val Arg Pro Val Leu Cys Ile Ala Ala Cys Glu Leu Val Gly Gly
 115 120 125

Glu Glu Ser Leu Ala Met Pro Ala Arg Cys Ala Val Glu Met Ile His
 130 135 140

Thr Met Ser Leu Ile His Asp Asp Leu Pro Cys Met Asp Asn Asp Asp
 145 150 155 160

Leu Arg Arg Gly Lys Pro Thr Asn His Lys Val Tyr Gly Glu Asp Val
 165 170 175

Ala Val Leu Ala Gly Asp Ala Leu Leu Ser Phe Ala Phe Glu His Leu
 180 185 190

Ala Ser Ala Thr Ser Ser Glu Val Ser Pro Ala Arg Val Val Arg Ala
 195 200 205

Val Gly Glu Leu Ala Lys Ala Ile Gly Thr Glu Gly Leu Val Ala Gly
 210 215 220

Gln Val Val Asp Ile Ser Ser Glu Gly Leu Asp Leu Asn Asn Val Gly
 225 230 235 240

Leu Glu His Leu Lys Phe Ile His Leu His Lys Thr Ala Ala Leu Leu
 245 250 255

Glu Ala Ser Ala Val Leu Gly Gly Ile Ile Gly Gly Gly Ser Asp Glu
 260 265 270

Glu Ile Glu Arg Leu Arg Lys Phe Ala Arg Cys Ile Gly Leu Leu Phe
 275 280 285

Gln Val Val Asp Asp Ile Leu Asp Val Thr Lys Ser Ser Gln Glu Leu
 290 295 300

Gly Lys Thr Ala Gly Lys Asp Leu Ile Ala Asp Lys Leu Thr Tyr Pro
 305 310 315 320

Lys Leu Met Gly Leu Glu Lys Ser Arg Glu Phe Ala Glu Lys Leu Asn
 325 330 335

Thr Glu Ala Arg Asp Gln Leu Leu Gly Phe Asp Ser Asp Lys Val Ala
 340 345 350

Pro Leu Leu Ala Leu Ala Asn Tyr Ile Ala Asn Arg Gln Asn
 355 360 365

<210> 69

<211> 930

<212> DNA

<213> Erwinia uredovora

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(930)

<223>

<400> 69

atg aat aat ccg tcg tta ctc aat cat gcg gtc gaa acg atg gca gtt 48
 Met Asn Asn Pro Ser Leu Leu Asn His Ala Val Glu Thr Met Ala Val
 1 5 10 15

ggc tcg aaa agt ttt gcg aca gcc tca aag tta ttt gat gca aaa acc 96
 Gly Ser Lys Ser Phe Ala Thr Ala Ser Lys Leu Phe Asp Ala Lys Thr
 20 25 30

cgg cgc agc gta ctg atg ctc tac gcc tgg tgc cgc cat tgt gac gat 144
 Arg Arg Ser Val Leu Met Leu Tyr Ala Trp Cys Arg His Cys Asp Asp
 35 40 45

gtt att gac gat cag acg ctg gcc ttt cag gcc cgg cag cct gcc tta 192
 Val Ile Asp Asp Gln Thr Leu Gly Phe Gln Ala Arg Gln Pro Ala Leu
 50 55 60

caa acg ccc gaa caa cgt ctg atg caa ctt gag atg aaa acg cgc cag 240
 Gln Thr Pro Glu Gln Arg Leu Met Gln Leu Glu Met Lys Thr Arg Gln
 65 70 75 80

gcc tat gca gga tcg cag atg cac gaa ccg gcg ttt gcg gct ttt cag 288
 Ala Tyr Ala Gly Ser Gln Met His Glu Pro Ala Phe Ala Ala Phe Gln
 85 90 95

gaa gtg gct atg gct cat gat atc gcc ccg gct tac gcg ttt gat cat 336
 Glu Val Ala Met Ala His Asp Ile Ala Pro Ala Tyr Ala Phe Asp His
 100 105 110

ctg gaa ggc ttc gcc atg gat gta cgc gaa gcg caa tac agc caa ctg 384
 Leu Glu Gly Phe Ala Met Asp Val Arg Glu Ala Gln Tyr Ser Gln Leu
 115 120 125

gat gat acg ctg cgc tat tgc tat cac gtt gca ggc gtt gtc ggc ttg 432
 Asp Asp Thr Leu Arg Tyr Cys Tyr His Val Ala Gly Val Val Gly Leu
 130 135 140

atg atg gcg caa atc atg ggc gtg cgg gat aac gcc acg ctg gac cgc 480
 Met Met Ala Gln Ile Met Gly Val Arg Asp Asn Ala Thr Leu Asp Arg
 145 150 155 160

gcc tgt gac ctt ggg ctg gca ttt cag ttg acc aat att gct cgc gat 528
 Ala Cys Asp Leu Gly Leu Ala Phe Gln Leu Thr Asn Ile Ala Arg Asp
 165 170 175

att gtg gac gat gcg cat gcg ggc cgc tgt tat ctg ccg gca agc tgg 576
 Ile Val Asp Asp Ala His Ala Gly Arg Cys Tyr Leu Pro Ala Ser Trp
 180 185 190

ctg gag cat gaa ggt ctg aac aaa gag aat tat gcg gca cct gaa aac 624
 Leu Glu His Glu Gly Leu Asn Lys Glu Asn Tyr Ala Ala Pro Glu Asn
 195 200 205

cgt cag gcg ctg agc cgt atc gcc cgt cgt ttg gtg cag gaa gca gaa 672
 Arg Gln Ala Leu Ser Arg Ile Ala Arg Arg Leu Val Gln Glu Ala Glu
 210 215 220

cct tac tat ttg tct gcc aca gcc ggc ctg gca ggg ttg ccc ctg cgt 720
 Pro Tyr Tyr Leu Ser Ala Thr Ala Gly Leu Ala Gly Leu Pro Leu Arg
 225 230 235 240

tcc gcc tgg gca atc gct acg gcg aag cag gtt tac cgg aaa ata ggt 768
 Ser Ala Trp Ala Ile Ala Thr Ala Lys Gln Val Tyr Arg Lys Ile Gly
 245 250 255

gtc aaa gtt gaa cag gcc ggt cag caa gcc tgg gat cag cgg cag tca 816
 Val Lys Val Glu Gln Ala Gly Gln Gln Ala Trp Asp Gln Arg Gln Ser
 260 265 270

acg acc acg ccc gaa aaa tta acg ctg ctg ctg gcc gcc tct ggt cag 864
 Thr Thr Thr Pro Glu Lys Leu Thr Leu Leu Leu Ala Ala Ser Gly Gln
 275 280 285

gcc ctt act tcc cgg atg cgg gct cat cct ccc cgc cct gcg cat ctc 912
 Ala Leu Thr Ser Arg Met Arg Ala His Pro Pro Arg Pro Ala His Leu
 290 295 300

tgg cag cgc ccg ctc tag 930
 Trp Gln Arg Pro Leu
 305

<211> 309

<212> PRT

<213> Erwinia uredovora

<400> 70

Met Asn Asn Pro Ser Leu Leu Asn His Ala Val Glu Thr Met Ala Val
 1 5 10 15

Gly Ser Lys Ser Phe Ala Thr Ala Ser Lys Leu Phe Asp Ala Lys Thr
 20 25 30

Arg Arg Ser Val Leu Met Leu Tyr Ala Trp Cys Arg His Cys Asp Asp
 35 40 45

Val Ile Asp Asp Gln Thr Leu Gly Phe Gln Ala Arg Gln Pro Ala Leu
 50 55 60

Gln Thr Pro Glu Gln Arg Leu Met Gln Leu Glu Met Lys Thr Arg Gln
 65 70 75 80

Ala Tyr Ala Gly Ser Gln Met His Glu Pro Ala Phe Ala Ala Phe Gln
 85 90 95

Glu Val Ala Met Ala His Asp Ile Ala Pro Ala Tyr Ala Phe Asp His
 100 105 110

Leu Glu Gly Phe Ala Met Asp Val Arg Glu Ala Gln Tyr Ser Gln Leu
 115 120 125

Asp Asp Thr Leu Arg Tyr Cys Tyr His Val Ala Gly Val Val Gly Leu
 130 135 140

Met Met Ala Gln Ile Met Gly Val Arg Asp Asn Ala Thr Leu Asp Arg
 145 150 155 160

Ala Cys Asp Leu Gly Leu Ala Phe Gln Leu Thr Asn Ile Ala Arg Asp
 165 170 175

Ile Val Asp Asp Ala His Ala Gly Arg Cys Tyr Leu Pro Ala Ser Trp
 180 185 190

Leu Glu His Glu Gly Leu Asn Lys Glu Asn Tyr Ala Ala Pro Glu Asn
195 200 205

Arg Gln Ala Leu Ser Arg Ile Ala Arg Arg Leu Val Gln Glu Ala Glu
210 215 220

Pro Tyr Tyr Leu Ser Ala Thr Ala Gly Leu Ala Gly Leu Pro Leu Arg
225 230 235 240

Ser Ala Trp Ala Ile Ala Thr Ala Lys Gln Val Tyr Arg Lys Ile Gly
245 250 255

Val Lys Val Glu Gln Ala Gly Gln Gln Ala Trp Asp Gln Arg Gln Ser
260 265 270

Thr Thr Thr Pro Glu Lys Leu Thr Leu Leu Leu Ala Ala Ser Gly Gln
275 280 285

Ala Leu Thr Ser Arg Met Arg Ala His Pro Pro Arg Pro Ala His Leu
290 295 300

Trp Gln Arg Pro Leu
305

<210> 71

<211> 1479

<212> .DNA.

<213> Erwinia uredovora

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1479)

<223>

<400> 71

atg aaa cca act acg gta att ggt gca ggc ttc ggt ggc ctg gca ctg

Met Lys Pro Thr Thr Val Ile Gly Ala Gly Phe Gly Gly Leu Ala Leu	
1 5 10 15	
gca att cgt cta caa gct gcg ggg atc ccc gtc tta ctg ctt gaa caa	96
Ala Ile Arg Leu Gln Ala Ala Gly Ile Pro Val Leu Leu Leu Glu Gln	
20 25 30	
cgt gat aaa ccc ggc ggt cgg gct tat gtc tac gag gat cag ggg ttt	144
Arg Asp Lys Pro Gly Gly Arg Ala Tyr Val Tyr Glu Asp Gln Gly Phe	
35 40 45	
acc ttt gat gca ggc ccg acg gtt atc acc gat ccc agt gcc att gaa	192
Thr Phe Asp Ala Gly Pro Thr Val Ile Thr Asp Pro Ser Ala Ile Glu	
50 55 60	
gaa ctg ttt gca ctg gca gga aaa cag tta aaa gag tat gtc gaa ctg	240
Glu Leu Phe Ala Leu Ala Gly Lys Gln Leu Lys Glu Tyr Val Glu Leu	
65 70 75 80	
ctg ccg gtt acg ccg ttt tac cgc ctg tgt tgg gag tca ggg aag gtc	288
Leu Pro Val Thr Pro Phe Tyr Arg Leu Cys Trp Glu Ser Gly Lys Val	
85 90 95	
ttt aat tac gat aac gat caa acc cgg ctc gaa gcg cag att cag cag	336
Phe Asn Tyr Asp Asn Asp Gln Thr Arg Leu Glu Ala Gln Ile Gln Gln	
100 105 110	
ttt aat ccc cgc gat gtc gaa ggt tat cgt cag ttt ctg gac tat tca	384
Phe Asn Pro Arg Asp Val Glu Gly Tyr Arg Gln Phe Leu Asp Tyr Ser	
115 120 125	
cgc gcg gtg ttt aaa gaa ggc tat cta aag ctc ggt act gtc cct ttt	432
Arg Ala Val Phe Lys Glu Gly Tyr Leu Lys Leu Gly Thr Val Pro Phe	
130 135 140	
tta tcg ttc aga gac atg ctt cgc gcc gca cct caa ctg gcg aaa ctg	480
Leu Ser Phe Arg Asp Met Leu Arg Ala Ala Pro Gln Leu Ala Lys Leu	
145 150 155 160	
cag gca tgg aga agc gtt tac agt aag gtt gcc agt tac atc gaa gat	528
Gln Ala Trp Arg Ser Val Tyr Ser Lys Val Ala Ser Tyr Ile Glu Asp	
165 170 175	
gaa cat ctg cgc cag gcg ttt tct ttc cac tcg ctg ttg gtg ggc ggc	576
Glu His Leu Arg Gln Ala Phe Ser Phe His Ser Leu Leu Val Gly Gly	
180 185 190	
aat ccc ttc gcc acc tca tcc att tat acg ttg ata cac gcg ctg gag	624
Asn Pro Phe Ala Thr Ser Ser Ile Tyr Thr Leu Ile His Ala Leu Glu	
195 200 205	
cgt gag tgg ggc gtc tgg ttt ccg cgt ggc ggc acc ggc gca tta gtt	672
Arg Glu Trp Gly Val Trp Phe Pro Arg Gly Gly Thr Gly Ala Leu Val	
210 215 220	
cag ggg atg ata aag ctg ttt cag gat ctg ggt ggc gaa gtc gtg tta	720

Gln	Gly	Met	Ile	Lys	Leu	Phe	Gln	Asp	Leu	Gly	Gly	Glu	Val	Val	Leu		
225					230					235					240		
aac	gcc	aga	gtc	agc	cat	atg	gaa	acg	aca	gga	aac	aag	att	gaa	gcc	768	
Asn	Ala	Arg	Val	Ser	His	Met	Glu	Thr	Thr	Gly	Asn	Lys	Ile	Glu	Ala		
				245					250					255			
gtg	cat	tta	gag	gac	ggc	cgc	agg	ttc	ctg	acg	caa	gcc	gtc	gcg	tca	816	
Val	His	Leu	Glu	Asp	Gly	Arg	Arg	Phe	Leu	Thr	Gln	Ala	Val	Ala	Ser		
			260					265					270				
aat	gca	gat	gtg	gtt	cat	acc	tat	cgc	gac	ctg	tta	agc	cag	cac	cct	864	
Asn	Ala	Asp	Val	Val	His	Thr	Tyr	Arg	Asp	Leu	Leu	Ser	Gln	His	Pro		
		275					280					285					
gcc	gcg	gtt	aag	cag	tcc	aac	aaa	ctg	cag	act	aag	cgc	atg	agt	aac	912	
Ala	Ala	Val	Lys	Gln	Ser	Asn	Lys	Leu	Gln	Thr	Lys	Arg	Met	Ser	Asn		
		290				295					300						
tct	ctg	ttt	gtg	ctc	tat	ttt	ggc	ttg	aat	cac	cat	cat	gat	cag	ctc	960	
Ser	Leu	Phe	Val	Leu	Tyr	Phe	Gly	Leu	Asn	His	His	His	Asp	Gln	Leu		
305					310					315				320			
gcg	cat	cac	acg	gtt	tgt	ttc	ggc	ccg	cgt	tac	cgc	gag	ctg	att	gac	1008	
Ala	His	His	Thr	Val	Cys	Phe	Gly	Pro	Arg	Tyr	Arg	Glu	Leu	Ile	Asp		
				325					330					335			
gaa	att	ttt	aat	cat	gat	ggc	ctc	gca	gag	gac	ttc	tca	ctt	tat	ctg	1056	
Glu	Ile	Phe	Asn	His	Asp	Gly	Leu	Ala	Glu	Asp	Phe	Ser	Leu	Tyr	Leu		
			340					345					350				
cac	gcg	ccc	tgt	gtc	acg	gat	tgc	tca	ctg	gcg	cct	gaa	ggc	tgc	ggc	1104	
His	Ala	Pro	Cys	Val	Thr	Asp	Ser	Ser	Leu	Ala	Pro	Glu	Gly	Cys	Gly		
		355					360					365					
agt	tac	tat	gtg	ttg	gcg	ccg	gtg	ccg	cat	tta	ggc	acc	gcg	aac	ctc	1152	
Ser	Tyr	Tyr	Val	Leu	Ala	Pro	Val	Pro	His	Leu	Gly	Thr	Ala	Asn	Leu		
		370				375					380						
gac	tgg	acg	gtt	gag	ggg	cca	aaa	cta	cgc	gac	cgt	att	ttt	gcg	tac	1200	
Asp	Trp	Thr	Val	Glu	Gly	Pro	Lys	Leu	Arg	Asp	Arg	Ile	Phe	Ala	Tyr		
385				390						395				400			
ctt	gag	cag	cat	tac	atg	cct	ggc	tta	cgg	agt	cag	ctg	gtc	acg	cac	1248	
Leu	Glu	Gln	His	Tyr	Met	Pro	Gly	Leu	Arg	Ser	Gln	Leu	Val	Thr	His		
				405					410					415			
cgg	atg	ttt	acg	ccg	ttt	gat	ttt	cgc	gac	cag	ctt	aat	gcc	tat	cat	1296	
Arg	Met	Phe	Thr	Pro	Phe	Asp	Phe	Arg	Asp	Gln	Le						

Arg Pro His Asn Arg Asp Lys Thr Ile Thr Asn Leu Tyr Leu Val Gly
 450 455 460
 gca ggc acg cat ccc ggc gca ggc att cct ggc gtc atc ggc tcg gca 1440
 Ala Gly Thr His Pro Gly Ala Gly Ile Pro Gly Val Ile Gly Ser Ala
 465 470 475 480
 aaa gcg aca gca ggt ttg atg ctg gag gat ctg ata tga 1479
 Lys Ala Thr Ala Gly Leu Met Leu Glu Asp Leu Ile
 485 490

<210> 72

<211> 492

<212> PRT

<213> Erwinia uredovora

<400> 72

Met Lys Pro Thr Thr Val Ile Gly Ala Gly Phe Gly Gly Leu Ala Leu
 1 5 10 15
 Ala Ile Arg Leu Gln Ala Ala Gly Ile Pro Val Leu Leu Leu Glu Gln
 20 25 30
 Arg Asp Lys Pro Gly Gly Arg Ala Tyr Val Tyr Glu Asp Gln Gly Phe
 35 40 45
 Thr Phe Asp Ala Gly Pro Thr Val Ile Thr Asp Pro Ser Ala Ile Glu
 50 55 60
 Glu Leu Phe Ala Leu Ala Gly Lys Gln Leu Lys Glu Tyr Val Glu Leu
 65 70 75 80
 Leu Pro Val Thr Pro Phe Tyr Arg Leu Cys Trp Glu Ser Gly Lys Val
 85 90 95
 Phe Asn Tyr Asp Asn Asp Gln Thr Arg Leu Glu Ala Gln Ile Gln Gln
 100 105 110
 Phe Asn Pro Arg Asp Val Glu Gly Tyr Arg Gln Phe Leu Asp Tyr Ser
 115 120 125

Arg Ala Val Phe Lys Glu Gly Tyr Leu Lys Leu Gly Thr Val Pro Phe
 130 135 140

Leu Ser Phe Arg Asp Met Leu Arg Ala Ala Pro Gln Leu Ala Lys Leu
 145 150 155 160

Gln Ala Trp Arg Ser Val Tyr Ser Lys Val Ala Ser Tyr Ile Glu Asp
 165 170 175

Glu His Leu Arg Gln Ala Phe Ser Phe His Ser Leu Leu Val Gly Gly
 180 185 190

Asn Pro Phe Ala Thr Ser Ser Ile Tyr Thr Leu Ile His Ala Leu Glu
 195 200 205

Arg Glu Trp Gly Val Trp Phe Pro Arg Gly Gly Thr Gly Ala Leu Val
 210 215 220

Gln Gly Met Ile Lys Leu Phe Gln Asp Leu Gly Gly Glu Val Val Leu
 225 230 235 240

Asn Ala Arg Val Ser His Met Glu Thr Thr Gly Asn Lys Ile Glu Ala
 245 250 255

Val His Leu Glu Asp Gly Arg Arg Phe Leu Thr Gln Ala Val Ala Ser
 260 265 270

Asn Ala Asp Val Val His Thr Tyr Arg Asp Leu Leu Ser Gln His Pro
 275 280 285

Ala Ala Val Lys Gln Ser Asn Lys Leu Gln Thr Lys Arg Met Ser Asn
 290 295 300

Ser Leu Phe Val Leu Tyr Phe Gly Leu Asn His His His Asp Gln Leu
 305 310 315 320

Ala His His Thr Val Cys Phe Gly Pro Arg Tyr Arg Glu Leu Ile Asp
 325 330 335

Glu Ile Phe Asn His Asp Gly Leu Ala Glu Asp Phe Ser Leu Tyr Leu
 340 345 350

His Ala Pro Cys Val Thr Asp Ser Ser Leu Ala Pro Glu Gly Cys Gly
355 360 365

Ser Tyr Tyr Val Leu Ala Pro Val Pro His Leu Gly Thr Ala Asn Leu
370 375 380

Asp Trp Thr Val Glu Gly Pro Lys Leu Arg Asp Arg Ile Phe Ala Tyr
385 390 395 400

Leu Glu Gln His Tyr Met Pro Gly Leu Arg Ser Gln Leu Val Thr His
405 410 415

Arg Met Phe Thr Pro Phe Asp Phe Arg Asp Gln Leu Asn Ala Tyr His
420 425 430

Gly Ser Ala Phe Ser Val Glu Pro Val Leu Thr Gln Ser Ala Trp Phe
435 440 445

Arg Pro His Asn Arg Asp Lys Thr Ile Thr Asn Leu Tyr Leu Val Gly
450 455 460

Ala Gly Thr His Pro Gly Ala Gly Ile Pro Gly Val Ile Gly Ser Ala
465 470 475 480

Lys Ala Thr Ala Gly Leu Met Leu Glu Asp Leu Ile
485 490

<210> 73

<211> 1725

<212> DNA

<213> Narcissus pseudonarcissus

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1725)

<223>

<400> 73

atg gct tct tcc act tgt tta att cat tct tcc tct ttt ggg gtt gga 48
 Met Ala Ser Ser Thr Cys Leu Ile His Ser Ser Ser Phe Gly Val Gly
 1 5 10 15

gga aag aaa gtg aag atg aac acg atg att cga tcg aag ttg ttt tca 96
 Gly Lys Lys Val Lys Met Asn Thr Met Ile Arg Ser Lys Leu Phe Ser
 20 25 30

att cgg tcg gct ttg gac act aag gtg tct gat atg agc gtc aat gct 144
 Ile Arg Ser Ala Leu Asp Thr Lys Val Ser Asp Met Ser Val Asn Ala
 35 40 45

cca aaa gga ttg ttt cca cca gag cct gag cac tac agg ggg cca aag 192
 Pro Lys Gly Leu Phe Pro Pro Glu Pro Glu His Tyr Arg Gly Pro Lys
 50 55 60

ctt aaa gtg gct atc att gga gct ggg ctc gct ggc atg tca act gca 240
 Leu Lys Val Ala Ile Ile Gly Ala Gly Leu Ala Gly Met Ser Thr Ala
 65 70 75 80

gtg gag ctt ttg gat caa ggg cat gag gtt gac ata tat gaa tcc aga 288
 Val Glu Leu Leu Asp Gln Gly His Glu Val Asp Ile Tyr Glu Ser Arg
 85 90 95

caa ttt att ggt ggt aaa gtc ggt tct ttt gta gat aag cgt gga aac 336
 Gln Phe Ile Gly Gly Lys Val Gly Ser Phe Val Asp Lys Arg Gly Asn
 100 105 110

cat att gaa atg gga ctc cat gtg ttt ttt ggt tgc tat aac aat ctt 384
 His Ile Glu Met Gly Leu His Val Phe Phe Gly Cys Tyr Asn Asn Leu
 115 120 125

ttc aga ctt atg aaa aag gta ggt gca gat gaa aat tta ctg gtg aag 432
 Phe Arg Leu Met Lys Lys Val Gly Ala Asp Glu Asn Leu Leu Val Lys
 130 135 140

gat cat act cat acc ttt gta aac cga ggt gga gaa att ggt gaa ctt 480
 Asp His Thr His Thr Phe Val Asn Arg Gly Gly Glu Ile Gly Glu Leu
 145 150 155 160

gat ttc cga ctt ccg atg ggt gca cca tta cat ggt att cgt gca ttt 528
 Asp Phe Arg Leu Pro Met Gly Ala Pro Leu His Gly Ile Arg Ala Phe
 165 170 175

cta aca act aat caa ctg aag cct tat gat aaa gca agg aat gct gtg 576
 Leu Thr Thr Asn Gln Leu Lys Pro Tyr Asp Lys Ala Arg Asn Ala Val
 180 185 190

gct ctt gcc ctt agc cca gtt gta cgt gct ctt att gat cca aat ggt 624
 Ala Leu Ala Leu Ser Pro Val Val Arg Ala Leu Ile Asp Pro Asn Gly
 195 200 205

gca atg cag gat ata agg aac tta gat aat att agc ttt tct gat tgg 672
 Ala Met Gln Asp Ile Arg Asn Leu Asp Asn Ile Ser Phe Ser Asp Trp
 210 215 220

ttc tta tcc aaa ggc ggt acc cgc atg agc atc caa agg atg tgg gat	720
Phe Leu Ser Lys Gly Gly Thr Arg Met Ser Ile Gln Arg Met Trp Asp	
225 230 235 240	
cca gtt gct tat gcc ctc gga ttt att gac tgt gat aat atc agt gcc	768
Pro Val Ala Tyr Ala Leu Gly Phe Ile Asp Cys Asp Asn Ile Ser Ala	
245 250 255	
cgt tgt atg ctt act ata ttt tct cta ttt gct act aag aca gaa gct	816
Arg Cys Met Leu Thr Ile Phe Ser Leu Phe Ala Thr Lys Thr Glu Ala	
260 265 270	
tct ctg ttg cgt atg ttg aag ggt tcg cct gat gtt tac tta agc ggt	864
Ser Leu Leu Arg Met Leu Lys Gly Ser Pro Asp Val Tyr Leu Ser Gly	
275 280 285	
cct ata aga aag tat att aca gat aaa ggt gga agg ttt cac cta agg	912
Pro Ile Arg Lys Tyr Ile Thr Asp Lys Gly Gly Arg Phe His Leu Arg	
290 295 300	
tgg ggg tgt aga gag ata ctt tat gat gaa cta tca aat ggc gac aca	960
Trp Gly Cys Arg Glu Ile Leu Tyr Asp Glu Leu Ser Asn Gly Asp Thr	
305 310 315 320	
tat atc aca ggc att gca atg tcg aag gct acc aat aaa aaa ctt gtg	1008
Tyr Ile Thr Gly Ile Ala Met Ser Lys Ala Thr Asn Lys Lys Leu Val	
325 330 335	
aaa gct gac gtg tat gtt gca gca tgt gat gtt cct gga ata aaa agg	1056
Lys Ala Asp Val Tyr Val Ala Ala Cys Asp Val Pro Gly Ile Lys Arg	
340 345 350	
ttg atc cca tcg gag tgg aga gaa tgg gat cta ttt gac aat atc tat	1104
Leu Ile Pro Ser Glu Trp Arg Glu Trp Asp Leu Phe Asp Asn Ile Tyr	
355 360 365	
aaa cta gtt gga gtt cca gtt gtc act gtt cag ctt agg tac aat ggt	1152
Lys Leu Val Gly Val Pro Val Val Thr Val Gln Leu Arg Tyr Asn Gly	
370 375 380	
tgg gtg aca gag atg caa gat ctg gaa aaa tca agg cag ttg aga gct	1200
Trp Val Thr Glu Met Gln Asp Leu Glu Lys Ser Arg Gln Leu Arg Ala	
385 390 395 400	
gca gta gga ttg gat aat ctt ctt tat act cca gat gca gac ttt tct	1248
Ala Val Gly Leu Asp Asn Leu Leu Tyr Thr Pro Asp Ala Asp Phe Ser	
405 410 415	
tgt ttt tct gat ctt gca ctc tcg tcg cct gaa gat tat tat att gaa	1296
Cys Phe Ser Asp Leu Ala Leu Ser Ser Pro Glu Asp Tyr Tyr Ile Glu	
420 425 430	
gga caa ggg tcc cta ata cag gct gtt ctc acg cca ggg gat cca tac	1344
Gly Gln Gly Ser Leu Ile Gln Ala Val Leu Thr Pro Gly Asp Pro Tyr	
435 440 445	

atg ccc cta cct aat gat gca att ata gaa aga gtt cgg aaa cag gtt 1392
 Met Pro Leu Pro Asn Asp Ala Ile Ile Glu Arg Val Arg Lys Gln Val
 450 455 460

ttg gat tta ttc cca tcc tct caa ggc ctg gaa gtt cta tgg tct tcg 1440
 Leu Asp Leu Phe Pro Ser Ser Gln Gly Leu Glu Val Leu Trp Ser Ser
 465 470 475 480

gtg gtt aaa atc gga caa tcc cta tat cgg gag ggg cct gga aag gac 1488
 Val Val Lys Ile Gly Gln Ser Leu Tyr Arg Glu Gly Pro Gly Lys Asp
 485 490 495

cca ttc aga cct gat cag aag aca cca gta aaa aat ttc ttc ctt gca 1536
 Pro Phe Arg Pro Asp Gln Lys Thr Pro Val Lys Asn Phe Phe Leu Ala
 500 505 510

ggg tca tac acc aaa cag gat tac att gac agt atg gaa gga gcg acc 1584
 Gly Ser Tyr Thr Lys Gln Asp Tyr Ile Asp Ser Met Glu Gly Ala Thr
 515 520 525

cta tcg ggg aga caa gca gct gca tat atc tgc agc gcc ggt gaa gat 1632
 Leu Ser Gly Arg Gln Ala Ala Ala Tyr Ile Cys Ser Ala Gly Glu Asp
 530 535 540

ctg gca gca ctt cgc aag aag atc gct gct gat cat cca gag caa ctg 1680
 Leu Ala Ala Leu Arg Lys Lys Ile Ala Ala Asp His Pro Glu Gln Leu
 545 550 555 560

atc aac aaa gat tct aac gtg tcg gat gaa ctg agt ctc gta taa 1725
 Ile Asn Lys Asp Ser Asn Val Ser Asp Glu Leu Ser Leu Val
 565 570

<210> 74

<211> 574

<212> PRT

<213> Narcissus pseudonarcissus

<400> 74

Met Ala Ser Ser Thr Cys Leu Ile His Ser Ser Ser Phe Gly Val Gly
 1 5 10 15

Gly Lys Lys Val Lys Met Asn Thr Met Ile Arg Ser Lys Leu Phe Ser
 20 25 30

Ile Arg Ser Ala Leu Asp Thr Lys Val Ser Asp Met Ser Val Asn Ala
 35 40 45

Pro Lys Gly Leu Phe Pro Pro Glu Pro Glu His Tyr Arg Gly Pro Lys
50 55 60

Leu Lys Val Ala Ile Ile Gly Ala Gly Leu Ala Gly Met Ser Thr Ala
65 70 75 80

Val Glu Leu Leu Asp Gln Gly His Glu Val Asp Ile Tyr Glu Ser Arg
85 90 95

Gln Phe Ile Gly Gly Lys Val Gly Ser Phe Val Asp Lys Arg Gly Asn
100 105 110

His Ile Glu Met Gly Leu His Val Phe Phe Gly Cys Tyr Asn Asn Leu
115 120 125

Phe Arg Leu Met Lys Lys Val Gly Ala Asp Glu Asn Leu Leu Val Lys
130 135 140

Asp His Thr His Thr Phe Val Asn Arg Gly Gly Glu Ile Gly Glu Leu
145 150 155 160

Asp Phe Arg Leu Pro Met Gly Ala Pro Leu His Gly Ile Arg Ala Phe
165 170 175

Leu Thr Thr Asn Gln Leu Lys Pro Tyr Asp Lys Ala Arg Asn Ala Val
180 185 190

Ala Leu Ala Leu Ser Pro Val Val Arg Ala Leu Ile Asp Pro Asn Gly
195 200 205

Ala Met Gln Asp Ile Arg Asn Leu Asp Asn Ile Ser Phe Ser Asp Trp
210 215 220

Phe Leu Ser Lys Gly Gly Thr Arg Met Ser Ile Gln Arg Met Trp Asp
225 230 235 240

Pro Val Ala Tyr Ala Leu Gly Phe Ile Asp Cys Asp Asn Ile Ser Ala
245 250 255

Arg Cys Met Leu Thr Ile Phe Ser Leu Phe Ala Thr Lys Thr Glu Ala
260 265 270

Ser Leu Leu Arg Met Leu Lys Gly Ser Pro Asp Val Tyr Leu Ser Gly
275 280 285

Pro Ile Arg Lys Tyr Ile Thr Asp Lys Gly Gly Arg Phe His Leu Arg
290 295 300

Trp Gly Cys Arg Glu Ile Leu Tyr Asp Glu Leu Ser Asn Gly Asp Thr
305 310 315 320

Tyr Ile Thr Gly Ile Ala Met Ser Lys Ala Thr Asn Lys Lys Leu Val
325 330 335

Lys Ala Asp Val Tyr Val Ala Ala Cys Asp Val Pro Gly Ile Lys Arg
340 345 350

Leu Ile Pro Ser Glu Trp Arg Glu Trp Asp Leu Phe Asp Asn Ile Tyr
355 360 365

Lys Leu Val Gly Val Pro Val Val Thr Val Gln Leu Arg Tyr Asn Gly
370 375 380

Trp Val Thr Glu Met Gln Asp Leu Glu Lys Ser Arg Gln Leu Arg Ala
385 390 395 400

Ala Val Gly Leu Asp Asn Leu Leu Tyr Thr Pro Asp Ala Asp Phe Ser
405 410 415

Cys Phe Ser Asp Leu Ala Leu Ser Ser Pro Glu Asp Tyr Tyr Ile Glu
420 425 430

Gly Gln Gly Ser Leu Ile Gln Ala Val Leu Thr Pro Gly Asp Pro Tyr
435 440 445

Met Pro Leu Pro Asn Asp Ala Ile Ile Glu Arg Val Arg Lys Gln Val
450 455 460

Leu Asp Leu Phe Pro Ser Ser Gln Gly Leu Glu Val Leu Trp Ser Ser
465 470 475 480

Val Val Lys Ile Gly Gln Ser Leu Tyr Arg Glu Gly Pro Gly Lys Asp
485 490 495

Pro Phe Arg Pro Asp Gln Lys Thr Pro Val Lys Asn Phe Phe Leu Ala
 500 505 510

Gly Ser Tyr Thr Lys Gln Asp Tyr Ile Asp Ser Met Glu Gly Ala Thr
 515 520 525

Leu Ser Gly Arg Gln Ala Ala Ala Tyr Ile Cys Ser Ala Gly Glu Asp
 530 535 540

Leu Ala Ala Leu Arg Lys Lys Ile Ala Ala Asp His Pro Glu Gln Leu
 545 550 555 560

Ile Asn Lys Asp Ser Asn Val Ser Asp Glu Leu Ser Leu Val
 565 570

<210> 75

<211> 1848

<212> DNA

<213> Lycopersicon esculentum

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (1848)

<223>

<400> 75

atg tgt acc ttg agt ttt atg tat cct aat tca ctt ctt gat ggt acc 48
 Met Cys Thr Leu Ser Phe Met Tyr Pro Asn Ser Leu Leu Asp Gly Thr
 1 5 10 15

tgc aag act gta gct ttg ggt gat agc aaa cca aga tac aat aaa cag 96
 Cys Lys Thr Val Ala Leu Gly Asp Ser Lys Pro Arg Tyr Asn Lys Gln
 20 25 30

aga agt tct tgt ttt gac cct ttg ata att gga aat tgt act gat cag 144
 Arg Ser Ser Cys Phe Asp Pro Leu Ile Ile Gly Asn Cys Thr Asp Gln
 35 40 45

cag cag ctt tgt ggc ttg agt tgg ggg gtg gac aag gct aag gga aga 192

Gln Gln Leu Cys Gly Leu Ser Trp Gly Val Asp Lys Ala Lys Gly Arg	
50 55 60	
aga ggg ggt act gtt tcc aat ttg aaa gca gtt gta gat gta gac aaa	240
Arg Gly Gly Thr Val Ser Asn Leu Lys Ala Val Val Asp Val Asp Lys	
65 70 75 80	
aga gtg gag agc tat ggc agt agt gat gta gaa gga aat gag agt ggc	288
Arg Val Glu Ser Tyr Gly Ser Ser Asp Val Glu Gly Asn Glu Ser Gly	
85 90 95	
agc tat gat gcc att gtt ata ggt tca gga ata ggt gga ttg gtg gca	336
Ser Tyr Asp Ala Ile Val Ile Gly Ser Gly Ile Gly Gly Leu Val Ala	
100 105 110	
gcg acg cag ctg gcg gtt aag gga gct aag gtt tta gtt ctg gag aag	384
Ala Thr Gln Leu Ala Val Lys Gly Ala Lys Val Leu Val Leu Glu Lys	
115 120 125	
tat gtt att cct ggt gga agc tct ggc ttt tac gag agg gat ggt tat	432
Tyr Val Ile Pro Gly Gly Ser Ser Gly Phe Tyr Glu Arg Asp Gly Tyr	
130 135 140	
aag ttt gat gtt ggt tca tca gtg atg ttt gga ttc agt gat aag gga	480
Lys Phe Asp Val Gly Ser Ser Val Met Phe Gly Phe Ser Asp Lys Gly	
145 150 155 160	
aac ctc aat tta att act caa gca ttg gca gca gta gga cgt aaa tta	528
Asn Leu Asn Leu Ile Thr Gln Ala Leu Ala Ala Val Gly Arg Lys Leu	
165 170 175	
gaa gtt ata cct gac cca aca act gta cat ttc cac ctg cca aat gac	576
Glu Val Ile Pro Asp Pro Thr Thr Val His Phe His Leu Pro Asn Asp	
180 185 190	
ctt tct gtt cgt ata cac cga gag tat gat gac ttc att gaa gag ctt	624
Leu Ser Val Arg Ile His Arg Glu Tyr Asp Asp Phe Ile Glu Glu Leu	
195 200 205	
gtg agt aaa ttt cca cat gaa aag gaa ggg att atc aaa ttt tac agt	672
Val Ser Lys Phe Pro His Glu Lys Glu Gly Ile Ile Lys Phe Tyr Ser	
210 215 220	
gaa tgc tgg aag atc ttt aat tct ctg aat tca ttg gaa ctg aag tct	720
Glu Cys Trp Lys Ile Phe Asn Ser Leu Asn Ser Leu Glu Leu Lys Ser	
225 230 235 240	
ttg gag gaa ccc atc tac ctt ttt ggc cag ttc ttt aag aag ccc ctt	768
Leu Glu Glu Pro Ile Tyr Leu Phe Gly Gln Phe Phe Lys Lys Pro Leu	
245 250 255	
gaa tgc ttg act ctt gcc tac tat ttg ccc cag aat gct ggt agc atc	816
Glu Cys Leu Thr Leu Ala Tyr Tyr Leu Pro Gln Asn Ala Gly Ser Ile	
260 265 270	
gct cgg aag tat ata aga gat cct ggg ttg ctg tct ttt ata gat gca	864

Ala Arg Lys Tyr Ile Arg Asp Pro Gly Leu Leu Ser Phe Ile Asp Ala	
275 280 285	
gag tgc ttt atc gtg agt aca gtt aat gca tta caa aca cca atg atc	912
Glu Cys Phe Ile Val Ser Thr Val Asn Ala Leu Gln Thr Pro Met Ile	
290 295 300	
aat gca agc atg gtt cta tgt gac aga cat ttt ggc gga atc aac tac	960
Asn Ala Ser Met Val Leu Cys Asp Arg His Phe Gly Gly Ile Asn Tyr	
305 310 315 320	
ccc gtt ggt gga gtt ggc gag atc gcc aaa tcc tta gca aaa ggc ttg	1008
Pro Val Gly Gly Val Gly Glu Ile Ala Lys Ser Leu Ala Lys Gly Leu	
325 330 335	
gat gat cac gga agt cag ata ctt tat agg gca aat gtt aca agt atc	1056
Asp Asp His Gly Ser Gln Ile Leu Tyr Arg Ala Asn Val Thr Ser Ile	
340 345 350	
att ttg gac aat ggc aaa gct gtg gga gtg aag ctt tct gac ggg agg	1104
Ile Leu Asp Asn Gly Lys Ala Val Gly Val Lys Leu Ser Asp Gly Arg	
355 360 365	
aag ttt tat gct aaa acc ata gta tcg aat gct acc aga tgg gat act	1152
Lys Phe Tyr Ala Lys Thr Ile Val Ser Asn Ala Thr Arg Trp Asp Thr	
370 375 380	
ttt gga aag ctt tta aaa gct gag aat ctg cca aaa gaa gaa gaa aat	1200
Phe Gly Lys Leu Leu Lys Ala Glu Asn Leu Pro Lys Glu Glu Glu Asn	
385 390 395 400	
ttc cag aaa gct tat gta aaa gca cct tct ttt ctt tct att cat atg	1248
Phe Gln Lys Ala Tyr Val Lys Ala Pro Ser Phe Leu Ser Ile His Met	
405 410 415	
gga gtt aaa gca gat gta ctc cca cca gac aca gat tgt cac cat ttt	1296
Gly Val Lys Ala Asp Val Leu Pro Pro Asp Thr Asp Cys His His Phe	
420 425 430	
gtc ctc gag gat gat tgg aca aat ttg gag aaa cca tat gga agt ata	1344
Val Leu Glu Asp Asp Trp Thr Asn Leu Glu Lys Pro Tyr Gly Ser Ile	
435 440 445	
ttc ttg agt att cca aca gtt ctt gat tcc tca ttg gcc cca gaa gga	1392
Phe Leu Ser Ile Pro Thr Val Leu Asp Ser Ser Leu Ala Pro Glu Gly	
450 455 460	
cac cat att ctt cac att ttt aca aca tcg agc att gaa gat tgg gag	1440
His His Ile Leu His Ile Phe Thr Thr Ser Ser Ile Glu Asp Trp Glu	
465 470 475 480	
gga ctc tct ccg aaa gac tat gaa gcg aag aaa gag gtt gtt gct gaa	1488
Gly Leu Ser Pro Lys Asp Tyr Glu Ala Lys Lys Glu Val Val Ala Glu	
485 490 495	
agg att ata agc aga ctt gaa aaa aca ctc ttc cca ggg ctt aag tca	1536

Arg Ile Ile Ser Arg Leu Glu Lys Thr Leu Phe Pro Gly Leu Lys Ser	
500 505 510	
tct att ctc ttt aag gag gtg gga act cca aag acc cac aga cga tac	1584
Ser Ile Leu Phe Lys Glu Val Gly Thr Pro Lys Thr His Arg Arg Tyr	
515 520 525	
ctt gct cgt gat agt ggt acc tat gga cca atg cca cgc gga aca cct	1632
Leu Ala Arg Asp Ser Gly Thr Tyr Gly Pro Met Pro Arg Gly Thr Pro	
530 535 540	
aag gga ctc ctg gga atg cct ttc aat acc act gct ata gat ggt cta	1680
Lys Gly Leu Leu Gly Met Pro Phe Asn Thr Thr Ala Ile Asp Gly Leu	
545 550 555 560	
tat tgt gtt ggc gat agt tgc ttc cca gga caa ggt gtt ata gct gta	1728
Tyr Cys Val Gly Asp Ser Cys Phe Pro Gly Gln Gly Val Ile Ala Val	
565 570 575	
gcc ttt tca gga gta atg tgc gct cat cgt gtt gca gct gac tta ggg	1776
Ala Phe Ser Gly Val Met Cys Ala His Arg Val Ala Ala Asp Leu Gly	
580 585 590	
ttt gaa aaa aaa tca gat gtg ctg gac agt gct ctt ctt aga cta ctt	1824
Phe Glu Lys Lys Ser Asp Val Leu Asp Ser Ala Leu Leu Arg Leu Leu	
595 600 605	
ggg tgg tta agg aca cta gca tga	1848
Gly Trp Leu Arg Thr Leu Ala	
610 615	

<210> 76

<211> 615

<212> PRT

<213> Lycopersicon esculentum

<400> 76

Met Cys Thr Leu Ser Phe Met Tyr Pro Asn Ser Leu Leu Asp Gly Thr
1 5 10 15

Cys Lys Thr Val Ala Leu Gly Asp Ser Lys Pro Arg Tyr Asn Lys Gln
20 25 30

Arg Ser Ser Cys Phe Asp Pro Leu Ile Ile Gly Asn Cys Thr Asp Gln
35 40 45

Gln Gln Leu Cys Gly Leu Ser Trp Gly Val Asp Lys Ala Lys Gly Arg
 50 55 60

Arg Gly Gly Thr Val Ser Asn Leu Lys Ala Val Val Asp Val Asp Lys
 65 70 75 80

Arg Val Glu Ser Tyr Gly Ser Ser Asp Val Glu Gly Asn Glu Ser Gly
 85 90 95

Ser Tyr Asp Ala Ile Val Ile Gly Ser Gly Ile Gly Gly Leu Val Ala
 100 105 110

Ala Thr Gln Leu Ala Val Lys Gly Ala Lys Val Leu Val Leu Glu Lys
 115 120 125

Tyr Val Ile Pro Gly Gly Ser Ser Gly Phe Tyr Glu Arg Asp Gly Tyr
 130 135 140

Lys Phe Asp Val Gly Ser Ser Val Met Phe Gly Phe Ser Asp Lys Gly
 145 150 155 160

Asn Leu Asn Leu Ile Thr Gln Ala Leu Ala Ala Val Gly Arg Lys Leu
 165 170 175

Glu Val Ile Pro Asp Pro Thr Thr Val His Phe His Leu Pro Asn Asp
 180 185 190

Leu Ser Val Arg Ile His Arg Glu Tyr Asp Asp Phe Ile Glu Glu Leu
 195 200 205

Val Ser Lys Phe Pro His Glu Lys Glu Gly Ile Ile Lys Phe Tyr Ser
 210 215 220

Glu Cys Trp Lys Ile Phe Asn Ser Leu Asn Ser Leu Glu Leu Lys Ser
 225 230 235 240

Leu Glu Glu Pro Ile Tyr Leu Phe Gly Gln Phe Phe Lys Lys Pro Leu
 245 250 255

Glu Cys Leu Thr Leu Ala Tyr Tyr Leu Pro Gln Asn Ala Gly Ser Ile
 260 265 270

Ala Arg Lys Tyr Ile Arg Asp Pro Gly Leu Leu Ser Phe Ile Asp Ala
 275 280 285

Glu Cys Phe Ile Val Ser Thr Val Asn Ala Leu Gln Thr Pro Met Ile
 290 295 300

Asn Ala Ser Met Val Leu Cys Asp Arg His Phe Gly Gly Ile Asn Tyr
 305 310 315 320

Pro Val Gly Gly Val Gly Glu Ile Ala Lys Ser Leu Ala Lys Gly Leu
 325 330 335

Asp Asp His Gly Ser Gln Ile Leu Tyr Arg Ala Asn Val Thr Ser Ile
 340 345 350

Ile Leu Asp Asn Gly Lys Ala Val Gly Val Lys Leu Ser Asp Gly Arg
 355 360 365

Lys Phe Tyr Ala Lys Thr Ile Val Ser Asn Ala Thr Arg Trp Asp Thr
 370 375 380

Phe Gly Lys Leu Leu Lys Ala Glu Asn Leu Pro Lys Glu Glu Glu Asn
 385 390 395 400

Phe Gln Lys Ala Tyr Val Lys Ala Pro Ser Phe Leu Ser Ile His Met
 405 410 415

Gly Val Lys Ala Asp Val Leu Pro Pro Asp Thr Asp Cys His His Phe
 420 425 430

Val Leu Glu Asp Asp Trp Thr Asn Leu Glu Lys Pro Tyr Gly Ser Ile
 435 440 445

Phe Leu Ser Ile Pro Thr Val Leu Asp Ser Ser Leu Ala Pro Glu Gly
 450 455 460

His His Ile Leu His Ile Phe Thr Thr Ser Ser Ile Glu Asp Trp Glu
 465 470 475 480

Gly Leu Ser Pro Lys Asp Tyr Glu Ala Lys Lys Glu Val Val Ala Glu
 485 490 495

Arg Ile Ile Ser Arg Leu Glu Lys Thr Leu Phe Pro Gly Leu Lys Ser
 500 505 510

Ser Ile Leu Phe Lys Glu Val Gly Thr Pro Lys Thr His Arg Arg Tyr
 515 520 525

Leu Ala Arg Asp Ser Gly Thr Tyr Gly Pro Met Pro Arg Gly Thr Pro
 530 535 540

Lys Gly Leu Leu Gly Met Pro Phe Asn Thr Thr Ala Ile Asp Gly Leu
 545 550 555 560

Tyr Cys Val Gly Asp Ser Cys Phe Pro Gly Gln Gly Val Ile Ala Val
 565 570 575

Ala Phe Ser Gly Val Met Cys Ala His Arg Val Ala Ala Asp Leu Gly
 580 585 590

Phe Glu Lys Lys Ser Asp Val Leu Asp Ser Ala Leu Leu Arg Leu Leu
 595 600 605

Gly Trp Leu Arg Thr Leu Ala
 610 615

<210> 77

<211> 1233

<212> DNA

<213> Tagetes erecta

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1233)

<223>

<400> 77

atg gcc aca cac aaa ctc ctt caa ttc acc acc aat ctc cca cca tct
 Met Ala Thr His Lys Leu Leu Gln Phe Thr Thr Asn Leu Pro Pro Ser
 1 5 10 15

tct tct tca atc tct act ggc tgt tca ctc tcc ccc ttc ttc ctc aaa	96
Ser Ser Ser Ile Ser Thr Gly Cys Ser Leu Ser Pro Phe Phe Leu Lys	
20 25 30	
tca tct tct cat tcc cct aac cct cgc cga cac cgc cgc tcc gcc gta	144
Ser Ser Ser His Ser Pro Asn Pro Arg Arg His Arg Arg Ser Ala Val	
35 40 45	
tgc tgc tct ttc gcc tca ctc gac tct gca aaa atc aaa gtc gtt ggc	192
Cys Cys Ser Phe Ala Ser Leu Asp Ser Ala Lys Ile Lys Val Val Gly	
50 55 60	
gtc ggt ggt ggt ggc aac aat gcc gtt aac cgc atg att ggt agc ggc	240
Val Gly Gly Gly Gly Asn Asn Ala Val Asn Arg Met Ile Gly Ser Gly	
65 70 75 80	
tta cag ggt gtt gat ttt tac gcc att aac acg gac tca caa gcg ctt	288
Leu Gln Gly Val Asp Phe Tyr Ala Ile Asn Thr Asp Ser Gln Ala Leu	
85 90 95	
ctg caa tct gtt gca cat aac cct att caa att ggg gag ctt ttg act	336
Leu Gln Ser Val Ala His Asn Pro Ile Gln Ile Gly Glu Leu Leu Thr	
100 105 110	
cgt gga tta ggt act ggt ggg aac ccg ctt ttg gga gaa cag gct gcg	384
Arg Gly Leu Gly Thr Gly Gly Asn Pro Leu Leu Gly Glu Gln Ala Ala	
115 120 125	
gag gag tcg aag gaa gcg att ggg aat gcg ctt aaa ggg tcg gat ctt	432
Glu Glu Ser Lys Glu Ala Ile Gly Asn Ala Leu Lys Gly Ser Asp Leu	
130 135 140	
gtg ttt ata aca gca ggt atg ggt ggt ggg acg ggt tcg ggt gct gct	480
Val Phe Ile Thr Ala Gly Met Gly Gly Gly Thr Gly Ser Gly Ala Ala	
145 150 155 160	
cca gtt gta gcg cag ata gcg aaa gaa gca ggg tat tta act gtt ggt	528
Pro Val Val Ala Gln Ile Ala Lys Glu Ala Gly Tyr Leu Thr Val Gly	
165 170 175	
gtt gta acg tac cca ttc agc ttt gaa ggc cgt aaa aga tca gta cag	576
Val Val Thr Tyr Pro Phe Ser Phe Glu Gly Arg Lys Arg Ser Val Gln	
180 185 190	
gcg tta gag gct att gag aag ctg caa aag aac gtt gac aca ctt ata	624
Ala Leu Glu Ala Ile Glu Lys Leu Gln Lys Asn Val Asp Thr Leu Ile	
195 200 205	
gtg att cca aat gac cgt ttg ctg gat att gct gat gaa aac acg cct	672
Val Ile Pro Asn Asp Arg Leu Leu Asp Ile Ala Asp Glu Asn Thr Pro	
210 215 220	
ctt cag gat gct ttt ctt ctt gct gat gat gta ctc cgc caa gga gtt	720
Leu Gln Asp Ala Phe Leu Leu Ala Asp Asp Val Leu Arg Gln Gly Val	
225 230 235 240	

caa gga atc tca gat ata att aca ata cct ggg ctg gta aat gtg gac 768
 Gln Gly Ile Ser Asp Ile Ile Thr Ile Pro Gly Leu Val Asn Val Asp
 245 250 255

 ttt gca gac gtt aaa gca gtc atg aaa gat tct gga act gca atg ctt 816
 Phe Ala Asp Val Lys Ala Val Met Lys Asp Ser Gly Thr Ala Met Leu
 260 265 270

 ggt gtc ggt gtt tcc tca agt aaa aac cga gct gaa gaa gca gct gaa 864
 Gly Val Gly Val Ser Ser Ser Lys Asn Arg Ala Glu Glu Ala Ala Glu
 275 280 285

 caa gca act ctt gct cct ttg att gga tca tca att caa tct gct aca 912
 Gln Ala Thr Leu Ala Pro Leu Ile Gly Ser Ser Ile Gln Ser Ala Thr
 290 295 300

 ggt gtt gtt tat aat att acc gga ggg aag gac ata act cta caa gaa 960
 Gly Val Val Tyr Asn Ile Thr Gly Gly Lys Asp Ile Thr Leu Gln Glu
 305 310 315 320

 gtc aac agg gtt tct cag gtg gta aca agt ttg gca gat cca tca gca 1008
 Val Asn Arg Val Ser Gln Val Val Thr Ser Leu Ala Asp Pro Ser Ala
 325 330 335

 aac att ata ttc ggg gca gtg gta gat gag aga tac aac ggg gag att 1056
 Asn Ile Ile Phe Gly Ala Val Val Asp Glu Arg Tyr Asn Gly Glu Ile
 340 345 350

 cat gtg acc att gtt gct act ggc ttt gcc cag tcg ttt cag aaa tct 1104
 His Val Thr Ile Val Ala Thr Gly Phe Ala Gln Ser Phe Gln Lys Ser
 355 360 365

 ctt ctt gct gac ccg aaa gga gca aaa ctt gtt gat aga aat caa gaa 1152
 Leu Leu Ala Asp Pro Lys Gly Ala Lys Leu Val Asp Arg Asn Gln Glu
 370 375 380

 cct aca caa cct ttg act tcc gcg aga tct ttg aca aca cct tct cct 1200
 Pro Thr Gln Pro Leu Thr Ser Ala Arg Ser Leu Thr Thr Pro Ser Pro
 385 390 395 400

 gct ccg tct cgg tct agg aaa ctc ttc ttt taa 1233
 Ala Pro Ser Arg Ser Arg Lys Leu Phe Phe
 405 410

<210> 78

<211> 410

<212> PRT

<213> Tagetes erecta

<400> 78

Met Ala Thr His Lys Leu Leu Gln Phe Thr Thr Asn Leu Pro Pro Ser
 1 5 10 15

Ser Ser Ser Ile Ser Thr Gly Cys Ser Leu Ser Pro Phe Phe Leu Lys
 20 25 30

Ser Ser Ser His Ser Pro Asn Pro Arg Arg His Arg Arg Ser Ala Val
 35 40 45

Cys Cys Ser Phe Ala Ser Leu Asp Ser Ala Lys Ile Lys Val Val Gly
 50 55 60

Val Gly Gly Gly Gly Asn Asn Ala Val Asn Arg Met Ile Gly Ser Gly
 65 70 75 80

Leu Gln Gly Val Asp Phe Tyr Ala Ile Asn Thr Asp Ser Gln Ala Leu
 85 90 95

Leu Gln Ser Val Ala His Asn Pro Ile Gln Ile Gly Glu Leu Leu Thr
 100 105 110

Arg Gly Leu Gly Thr Gly Gly Asn Pro Leu Leu Gly Glu Gln Ala Ala
 115 120 125

Glu Glu Ser Lys Glu Ala Ile Gly Asn Ala Leu Lys Gly Ser Asp Leu
 130 135 140

Val Phe Ile Thr Ala Gly Met Gly Gly Gly Thr Gly Ser Gly Ala Ala
 145 150 155 160

Pro Val Val Ala Gln Ile Ala Lys Glu Ala Gly Tyr Leu Thr Val Gly
 165 170 175

Val Val Thr Tyr Pro Phe Ser Phe Glu Gly Arg Lys Arg Ser Val Gln
 180 185 190

Ala Leu Glu Ala Ile Glu Lys Leu Gln Lys Asn Val Asp Thr Leu Ile
 195 200 205

Val Ile Pro Asn Asp Arg Leu Leu Asp Ile Ala Asp Glu Asn Thr Pro
 210 215 220

Leu Gln Asp Ala Phe Leu Leu Ala Asp Asp Val Leu Arg Gln Gly Val
225 230 235 240

Gln Gly Ile Ser Asp Ile Ile Thr Ile Pro Gly Leu Val Asn Val Asp
245 250 255

Phe Ala Asp Val Lys Ala Val Met Lys Asp Ser Gly Thr Ala Met Leu
260 265 270

Gly Val Gly Val Ser Ser Ser Lys Asn Arg Ala Glu Glu Ala Ala Glu
275 280 285

Gln Ala Thr Leu Ala Pro Leu Ile Gly Ser Ser Ile Gln Ser Ala Thr
290 295 300

Gly Val Val Tyr Asn Ile Thr Gly Gly Lys Asp Ile Thr Leu Gln Glu
305 310 315 320

Val Asn Arg Val Ser Gln Val Val Thr Ser Leu Ala Asp Pro Ser Ala
325 330 335

Asn Ile Ile Phe Gly Ala Val Val Asp Glu Arg Tyr Asn Gly Glu Ile
340 345 350

His Val Thr Ile Val Ala Thr Gly Phe Ala Gln Ser Phe Gln Lys Ser
355 360 365

Leu Leu Ala Asp Pro Lys Gly Ala Lys Leu Val Asp Arg Asn Gln Glu
370 375 380

Pro Thr Gln Pro Leu Thr Ser Ala Arg Ser Leu Thr Thr Pro Ser Pro
385 390 395 400

Ala Pro Ser Arg Ser Arg Lys Leu Phe Phe
405 410

<210> 79

<211> 33

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> primer_bind

<222> (1)..(33)

<223>

<400> 79

gcatgctcta gaccttataa agatattttg tga

33

<210> 80

<211> 33

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> primer_bind

<222> (1)..(33)

<223>

<400> 80

gcatgcatct agaaatggtt cagtgtcaac cat

33

<210> 81

<211> 805

<212> DNA

<213> Nostoc sp. Strain PCC7120

<220>

<221> variation

<222> (1)..(805)

<223>

<400> 81

```
gcatgcatct agaaatgggt cagtgtcaac catcatctct gcattcagaa aaactgggtgt      60
tattgtcatc gacaatcaga gatgataaaa atattaataa gggatatattt attgcctgct      120
ttatcttatt tttatgggca attagtttaa tcttattact ctcaatagat acatccataa      180
ttcataagag cttattaggt atagccatgc tttggcagac cttcttatat acaggtttat      240
ttattactgc tcatgatgcc atgcacggcg tagtttatcc caaaaatccc agaataaata      300
attttatagg taagctcact ctaatcttgt atggactact cccttataaa gatttattga      360
aaaaacattg gttacaccac ggacatcctg gtactgattt agaccctgat tattacaatg      420
gtcatcccca aaacttcttt ctttgggtatc tacattttat gaagtcttat tggcgatgga      480
cgcaaatttt cggattagtg atgatttttc atggacttaa aaatctgggtg catataccag      540
aaaataattt aattatattt tggatgatac cttctatttt aagttcagta caactatttt      600
attttggtag atttttgcct cataaaaagc tagaagggtg ttataactaac cccattgtg      660
cgcgagtagt ccattacct cttttttgggt cttttgttac ttgttatcac ttgggtacc      720
acaaggaaca tcacgaatac cctcaacttc cttgggtggaa attacctgaa gtcacaaaa      780
tatctttata aggtctagag catgc                                             805
```

<210> 82

<211> 37

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> Primer

<222> (1)..(37)

<223>

<400> 82
gcgcatgcat ctagaaatga tccagttaga acaacca

37

<210> 83

<211> 37

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> Primer

<222> (1)..(37)

<223>

<400> 83
gcgcatgctc tagactatct tgctttgtaa atttctg

37

<210> 84

<211> 792

<212> DNA

<213> Nostoc punctiforme ATCC 29133

<220>

<221> misc_feature

<222> (5)..(775)

<223>

<400> 84
gcgcatgcat ctagaaatga tccagttaga acaaccactc agtcatcaag caaaactgac 60
tccagtactg agaagtaaatt ctcaagtttaa ggggcttttc attgctattg tcattgttag 120
cgcatgggctc attagcctga gtttattact ttcccttgac atctcaaagc taaaattttg 180
gatgttattg cctgttatac tatggcaaac atttttatat acgggattat ttattacatc 240

tcattgatgcc atgcatggcg tagtatttcc ccaaaacacc aagattaatc atttgattgg 300
aacattgacc ctatcccttt atggtctttt accatatcaa aaactattga aaaaacattg 360
gttacaccac cacaatccag caagctcaat agaccggat tttcacaatg gtaaaccacca 420
aagtttcttt gcttggtatt ttcattttat gaaaggttac tggagttggg ggcaaataat 480
tgcgttgact attatttata actttgctaa atacatactc catatcccaa gtgataatct 540
aacttacttt tgggtgctac cctcgctttt aagttcatta caattattct attttggtac 600
ttttttaccc catagtgaac caataggggg ttatgttcag cctcattgtg cccaaacaat 660
tagccgtcct atttggtggt catttatcac gtgctatcat tttggctacc acgaggaaca 720
tcacgaatat cctcatattt cttggtggca gttaccagaa atttacaag caaaatagtc 780
tagagcatgc gc 792

<210> 85

<211> 26

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> Primer

<222> (1) .. (26)

<223>

<400> 85

gtcgaccctg ctttaatgag atatgc

26

<210> 86

<211> 27

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> Primer

<222> (1) .. (27)

<223>

<400> 86

ctcgagcttg gacaatcagt aaattga

27

<210> 87

<211> 210

<212> DNA

<213> Agrobacterium tumefaciens

<220>

<221> Terminator

<222> (1) .. (210)

<223>

<400> 87

gtcgaccctg ctttaatgag atatgcgaga cgcctatgat cgcgatgat ttgctttcaa 60

ttctgttggtg cacgttgtaa aaaacctgag catgtgtagc tcagatcctt accgccggtt 120

tcggttcatt ctaatgaata tatcaccctg tactatcgta tttttatgaa taatattctc 180

cgttcaattt actgattgtc caagctcgag 210

<210> 88

<211> 1773

<212> DNA

<213> Petunia hybrida

<220>

<221> Promotor

<222> (1) .. (1773)

<223>

<400> 88

gagctctagc gcaatcttat gtggtacaaa tcttgattag tcgggaaaaa atgatgtggc 60
cctacaaatg gttggaggat gggagatttg gctctatcta gagttatgtg gttggtgaag 120
catttggtta ctctctgctg tggtagttgg catatccaca ttgtctcctt ccacttttat 180
gacaattacg tgaaagttat gggttgtttt gtctattttt gtcgaggcct ttcttttctt 240
tccaggttgt tgaagatggc ccaattcgat tagaataatg ttttgagctt tagcatattc 300
tctctcgttt acacgattat agtaataatg atataggatg acagaagttg acacataaat 360
tttttattct ctccatttac tttaatccaa atctcaccta ccctaaactt ctttaatatg 420
tattcaatag tctatccgag taaattgtaa atttaacaac cattgataat attgacacct 480
actaacatat actagtaaag agaattattaa catggcacat ataatttgat gcaaaatgag 540
tatgatgaaa tttaaacca aaatctcttg attttgacag tgtcaccttg acttggttaac 600
taataagtca tgttttagtg gcagaaagac aaactcatcc accaactgta tagcaataaa 660
aatagaaga atcttctga ggcaaagttt tggaaaaatt aagagtggct gagatttaat 720
ttcaacagga attagttcca cttaactttt aggttacgat acagtgtctaa ttaaataact 780
taattgtatt agatatttct tgcacctaaa aaatttaaaa actgaaaaaa ggtagcaatc 840
aaaataaaca aaaggacaaa ataagtgaag ggtacagcca ccaaccctgg cggctcactg 900
tttgttggtt aaaacgtaga cttacaccta ccaaaatcta caactaaaat gaggcaataa 960
tactttgccc aaaattacca agaaaagaaa aagaaaggaa tcccttaata ttactctctt 1020
ccatttcaca ataaatatcc tagtttgact taaattagag tttaaaaaat gaaagacgac 1080
ttttaaaact tgtaatctaa aataaatcat agttaaatgt gtggctataa atcattgtat 1140
taacggtaaa gtggtaagtt taaaagttaa ttgttttcaa atataaaatt gtactatcat 1200
tctttttgga atggactaat aagaaaacta tgacatccat tatggagcgg agggagtatc 1260
tccttttaac aataaccttt gtcccttcaa ttcaattatc agtatgcaaa cattaataat 1320
tattattgat gtttaagtacc acatcatcct taatgataga atcatcgtag aacgcttttc 1380
caggcacaca ttcaaactag ttagaccagt accacacatc gaattattcca gacttctttg 1440

tttgaatagt cgactacatt ggataatgga acttctcgaa ttaacttcga attagtcgag 1500
cccaaaataa tatatacgtc ggggtggaaaa ctataaaatg tttgacaaaa atgtcaaatt 1560
aatatatcaa tctgcaacaa ctttttcacc ttgagaacac agctgaaatt ttttaciaag 1620
gtagttgggtg aagctagtca gcgaatccca ttaccttcca ctctaccta ccccttcac 1680
caacaacaaa tttctgtaat ttaaaaacta gccaaaaaag aactctcttt taciaagagc 1740
caaagactca atctttactt tcaagaaaag ctt 1773

<210> 89

<211> 29

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> Primer

<222> (1) .. (29)

<223>

<400> 89

gagctctagc gcaatcttat gtggtacaa

29

<210> 90

<211> 29

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> Primer

<222> (1) .. (29)

<223>

<400> 90
aagcttttct tgaaagtaaa gattgagtc

29

<210> 91

<211> 39

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> Primer

<222> (1) .. (39)

<223>

<400> 91
gcgcatgcat ctagaaatga atttttgtga taaaccagt

39

<210> 92

<211> 37

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> Primer

<222> (1) .. (37)

<223>

<400> 92
gcgcatgctc tagattacga attggttact gaattgt

37

<210> 93

<211> 819

<212> DNA

<213> Nostoc punctiforme ATCC 29133

<220>

<221> misc_feature

<222> (5)..(802)

<223>

<400> 93

gcgcatgcat ctagaaatga atttttgtga taaaccagtt agctattatg ttgcaataga	60
gcaattaagt gctaaagaag atactgtttg ggggctgggtg attgtcatag taattattag	120
tctttgggta gctagtttgg cttttttact agctattaat tatgccaaag tccaatttg	180
gttgatacct attgcaatag tttggcaaat gttcctttat acagggctat ttattactgc	240
acatgatgct atgcatgggt cagtttatcg taaaaatccc aaaattaata attttatcgg	300
ttcactagct gtagcgcttt acgctgtgtt tccatatcaa cagatgttaa agaattcattg	360
cttacatcat cgatcatcctg ctagcgaagt tgaccagat tttcatgatg gtaagagaac	420
aaacgctatt ttctggtatc tccatttcat gatagaatac tccagttggc aacagttaat	480
agtactaact atcctattta atttagctaa atacgttttg cacatccatc aaataaatct	540
catcttattt tggagtattc ctccaatttt aagttccatt caactgtttt atttcggaac	600
atttttgcct catcgagaac ccaagaaagg atatgtttat cccattgca gccaaacaat	660
aaaattgcc aactttttgt catttatcgc ttgctaccac tttggttatc atgaagaaca	720
tcatgagtat cccatgtac cttggtggca acttccatct gtatataagc agagagtatt	780
caacaattca gtaaccaatt cgtaatctag agcatgccc	819

<210> 94

<211> 33

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> Primer

<222> (1)..(33)

<223>

<400> 94

gcgcatgcat ctagaaatgg cgatcgccat tat

33

<210> 95

<211> 32

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> Primer

<222> (1)..(32)

<223>

<400> 95

gcgcatgctc tagatcacao atttgattta ga

32

<210> 96

<211> 720

<212> DNA

<213> Nodularia spumigena NSOR10

<220>

<221> CDS

<222> (5)..(703)

<223>

<400> 96

gcgc atg cat cta gaa atg gcg atc gcc att att agt ata tgg gct atc	49
Met His Leu Glu Met Ala Ile Ala Ile Ile Ser Ile Trp Ala Ile	
1 5 10 15	
agc cta ggt ttg tta ctt tat att gat ata tcc caa ttc aag ttt tgg	97
Ser Leu Gly Leu Leu Leu Tyr Ile Asp Ile Ser Gln Phe Lys Phe Trp	
20 25 30	
atg ttg tta ccg ctc ata ttt tgg caa aca ttt tta tat acg gga tta	145
Met Leu Leu Pro Leu Ile Phe Trp Gln Thr Phe Leu Tyr Thr Gly Leu	
35 40 45	
ttt att aca gct cat gat gcc atg cat ggg gta gtt ttt ccc aaa aat	193
Phe Ile Thr Ala His Asp Ala Met His Gly Val Val Phe Pro Lys Asn	
50 55 60	
ccc aaa atc aac cat ttc att ggc tca ttg tgc ctg ttt ctt tat ggt	241
Pro Lys Ile Asn His Phe Ile Gly Ser Leu Cys Leu Phe Leu Tyr Gly	
65 70 75	
ctt tta cct tat caa aaa ctt tta aaa aag cat tgg cta cat cac cat	289
Leu Leu Pro Tyr Gln Lys Leu Leu Lys Lys His Trp Leu His His His	
80 85 90 95	
aat cca gcc agt gaa aca gat cca gat ttt cac aac ggg aag cag aaa	337
Asn Pro Ala Ser Glu Thr Asp Pro Asp Phe His Asn Gly Lys Gln Lys	
100 105 110	
aac ttt ttt gct tgg tat tta tat ttt atg aag cgt tac tgg agt tgg	385
Asn Phe Phe Ala Trp Tyr Leu Tyr Phe Met Lys Arg Tyr Trp Ser Trp	
115 120 125	
tta caa att atc aca tta atg att att tat aac tta cta aaa tat ata	433
Leu Gln Ile Ile Thr Leu Met Ile Ile Tyr Asn Leu Leu Lys Tyr Ile	
130 135 140	
tgg cat ttt cca gag gat aat atg act tat ttt tgg gta gtt ccc tca	481
Trp His Phe Pro Glu Asp Asn Met Thr Tyr Phe Trp Val Val Pro Ser	
145 150 155	
att tta agt tct tta caa tta ttt tat ttt gga act ttt cta ccc cac	529
Ile Leu Ser Ser Leu Gln Leu Phe Tyr Phe Gly Thr Phe Leu Pro His	
160 165 170 175	
agt gag cct gta gaa ggt tat aaa gag cct cat cgt tcc caa act att	577
Ser Glu Pro Val Glu Gly Tyr Lys Glu Pro His Arg Ser Gln Thr Ile	
180 185 190	
agc cgt ccc att tgg tgg tca ttt ata act tgt tac cat ttt ggt tat	625
Ser Arg Pro Ile Trp Trp Ser Phe Ile Thr Cys Tyr His Phe Gly Tyr	
195 200 205	

cat tac gaa cat cat gaa tac ccc cat gtt cct tgg tgg caa tta cca 673
His Tyr Glu His His Glu Tyr Pro His Val Pro Trp Trp Gln Leu Pro
210 215 220

gaa att tat aaa atg tct aaa tca aat ttg tgatctagag catgcgc 720
Glu Ile Tyr Lys Met Ser Lys Ser Asn Leu
225 230

<210> 97

<211> 233

<212> PRT

<213> Nodularia spumigena NSOR10

<400> 97

Met His Leu Glu Met Ala Ile Ala Ile Ile Ser Ile Trp Ala Ile Ser
1 5 10 15

Leu Gly Leu Leu Leu Tyr Ile Asp Ile Ser Gln Phe Lys Phe Trp Met
20 25 30

Leu Leu Pro Leu Ile Phe Trp Gln Thr Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe
35 40 45

Ile Thr Ala His Asp Ala Met His Gly Val Val Phe Pro Lys Asn Pro
50 55 60

Lys Ile Asn His Phe Ile Gly Ser Leu Cys Leu Phe Leu Tyr Gly Leu
65 70 75 80

Leu Pro Tyr Gln Lys Leu Leu Lys Lys His Trp Leu His His His Asn
85 90 95

Pro Ala Ser Glu Thr Asp Pro Asp Phe His Asn Gly Lys Gln Lys Asn
100 105 110

Phe Phe Ala Trp Tyr Leu Tyr Phe Met Lys Arg Tyr Trp Ser Trp Leu
115 120 125

Gln Ile Ile Thr Leu Met Ile Ile Tyr Asn Leu Leu Lys Tyr Ile Trp
130 135 140

His Phe Pro Glu Asp Asn Met Thr Tyr Phe Trp Val Val Pro Ser Ile
145 150 155 160

Leu Ser Ser Leu Gln Leu Phe Tyr Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Ser
165 170 175

Glu Pro Val Glu Gly Tyr Lys Glu Pro His Arg Ser Gln Thr Ile Ser
180 185 190

Arg Pro Ile Trp Trp Ser Phe Ile Thr Cys Tyr His Phe Gly Tyr His
195 200 205

Tyr Glu His His Glu Tyr Pro His Val Pro Trp Trp Gln Leu Pro Glu
210 215 220

Ile Tyr Lys Met Ser Lys Ser Asn Leu
225 230

<210> 98

<211> 37

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> primer

<222> (1)..(37)

<223>

<400> 98
gagctcgata tctttgccag tattacaaca gcttata

37

<210> 99

<211> 31

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> Primer

<222> (1)..(31)

<223>

<400> 99

cccgggttta ctgaaaaata acagtaaaac c

31

<210> 100

<211> 2096

<212> DNA

<213> Lycopersicon esculentum

<220>

<221> promoter

<222> (1)..(2096)

<223>

<400> 100

gagctcgata tctttgccag tattacaaca gcttatatgt tgagcaggta aaagcttcaa 60

tgccctattc tttctacagt tatcaatggt gctcgtctaa tatctggtgt tcttctcgaa 120

atgtcaattg gcttgcagca cattgtcctc taatatccat tcaagcttct tagatgatga 180

aacatttggtc aaatttatta atttcatagt gttcagtctc aattcttttag ctgggttcctc 240

atagtaaagt tgtctaatat gaaatgaaaa tgttctgtgt gttgtactaa taccttttca 300

tggttggtcta tagaacgtcg atgaagagcc aaacagaaac tattttgggc tgcgatttct 360

gataccattg tatctgaatg ctgggtggga gctcatcaga agctttacaa tgggtcacat 420

atatggagcc ggtatgagga atgctgggaa tcagttgcgt ttcgcgtgct aggacttttc 480

cttcttggtta tttctgcca cagcccagtt gattacgtga actccgtcag acttggaag 540

gagagaagta cccaaatgtc gtcttttttag aaatactttt gtcacaaaat agcgggggttt 600
acagctacag aagatcatgc agaaggcgtc cagtttagtt tttgaagggt gtttggagtt 660
tatttatcta aagtaaactt aaatcagctt tttgtttatg agttcagtga actatatgtt 720
caaataagac ttccctttgt agatatgtgt tttttttgtt gttgagcact ttgtgtgcat 780
tggtataaacc cccaacgtgt aatagctacc atacaagaga agtaactcgc actgtccatg 840
tcttatgtgg ctgcactcag aaagcattca gggggattga taaccaccct ccaaaccaac 900
tgaaccattg tgaataacca cccttcaaat caaccgagtc ctctgaagg acaaatatgt 960
ggttttatat acattaaatt ttgtttttac atgcttcctc ttacttcttt agttttcttg 1020
accatatctt gcgtttttcc cttctgtaat tgacactttt cttcaaacca tccagcaatg 1080
tggaagcttg acgattttcc ttcagagtag aaattgaaaa gaatcaacta aaaaggatag 1140
tccttcgatt tgatttccgg cttaaaaata aactaataag aatgagagag cgaataatag 1200
aatattttga aattttaaag atattcaact atgttaaatt gcgttataaa tttcttaaat 1260
tagtagcacc taatagttta gttctcaaaa gtcaaaaacta ctacataatg tgctcatttt 1320
tcacattaaa atgcctacat gatgtaaaag taaaactcgt agcattctac gtgttttact 1380
caactcaaac atcctgttca ttttaataaa cgtacgatga gcttctctct ccaattttct 1440
tttctttttt ttttttaaaa aaatattttt ttttatatca atccaaatgg gctccaattt 1500
atcataaatt aggtagaaac ttagatatta aagaaagaaa agggtttatc tcgcaagtgt 1560
ggctatgggtg ggacgtgtca aattttggat tgtagccaaa catgagattt gatttaaagg 1620
gaattggcca aatcacgaa agcaggcatc ttcatacataa attagtttgt ttatttatac 1680
agaattatac gcttttacta gttatagcat tcggtatctt tttctgggta actgccaaac 1740
caccacaaat ttcaagtttc catttaactc ttcaacttca acccaaccaa atttatttgc 1800
ttaattgtgc agaaccactc cctatatctt ctaggtgctt tcattcgttc cgaggtaaga 1860
aaagattttt gtttctttga atgctttatg ccactcgttt aacttctgag gtttgtggat 1920
cttttagggc actttttttt tttttgtatg taaaatttgt ttcataaatg cttctcaaca 1980
taaactctga caaagagaag gaattttacc aagtatttag gttcagaaat ggataatttt 2040
cttactgtga aatatcctta tggcagggtt tactgttatt tttcagtaaa cccggg 2096

<210> 101

<211> 24

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> Primer

<222> (1)..(24)

<223>

<400> 101

gagctcgaat tctctgaaaa ggag

24

<210> 102

<211> 25

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> Primer

<222> (1)..(25)

<223>

<400> 102

aagctttata gagaatgtat aagat

25

<210> 103

<211> 1222

<212> DNA

<213> Lycopersicon esculentum

<220>

<221> Promotor

<222> (1) .. (1222)

<223>

<400> 103

```
gagctcgaat tctctgaaaa ggagcaccat atttgccgca ctgtgggttca tatttccaag      60
tacattttaga tgaactatat catcagattg aaagggttatt gtataatcaa tccagtggat      120
tctcgttctg gcacctttag aagtacatgt gcggaaaaaga atgataaggt ttgtattggt      180
gttgacaaag cctgttgctt ttctcatttg taaatgttct gaacgactcc taaattactc      240
ttaagggtgta aggtcttccg tgcctgtttg taaatataat gctgtgccgt gacttacctt      300
ttgtaccatt tgttcaaagt tatggcctga acaccagggg tgtcaaaaat gtctcatgcc      360
cgtttttattg gtctgaaaat ggcgatgatgc caaattctgc cgctccacag tgagcatttc      420
gatctactgg aaattgacca acttatttta tcacttgata actaaacaaa atcctattaa      480
ctttaatcat acattgtatt tataccgaaa aatttatgca taactcatta aattaccttt      540
tttagcagtc aaattctaaa tcagtttcta atttatcaaa atgggctttta taggggtccca      600
tttccactaa tatacctgcc gtccatgcac tgactacaaa acaaatacct cactatgttt      660
gttagtgctt ggtaatatata aaccttttct tttatgagaa agttcaccca gaataatttt      720
ctatttgtgg cataatagta tatagtgcag attgacaaga atttaatttt gcagttgggc      780
acatgaacaa ttttcctcaa agttgtagaa agtacttttc attttcttgt caccgaaaat      840
tatttataat tgaaattaaa accgaatgag ctgcaagatt caagtcgaat tttcaaaaga      900
attgaccaag aaaaaattca aaaatatccc ccaccccta ccaaacacat cctaaagtga      960
ggtatagact gggactggga ttgggaaaag ggtaaaatgc tttcactagc ttagcaaaga     1020
ttccactttg ttagctatct ttctttctca tttccttttt tctttttctt ttttttggtt     1080
tataagccaa agtaggtacc caaaagcatc aatattttgt attgcttggt gattcctctg     1140
tagtccagta tttcattttc tacaagttcc acctccctcc ataattaacc attatcaatc     1200
ttatacatte tctataaagc tt                                             1222
```

<210> 104

<211> 30

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> Primer

<222> (1)..(30)

<223>

<400> 104

gagctctaca aattagggtt actttattca

30

<210> 105

<211> 32

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<221> Primer

<222> (1)..(32)

<223>

<400> 105

aagcttagaa ttatttccaa attcogtaaa tc

32

<210> 106

<211> 1540

<212> DNA

<213> Cucumis sativus

<220>

<221> Promotor

<222> (1) .. (1540)

<223>

<400> 106

gagctctaca aattagggtt actttattca ttttcatcca ttctctttat tggttaaattt	60
tgtagattta ttcaataata ttatatgttt attacaaatt ctcaactttct tattcataacc	120
tattcactca agcctttacc atcttctctt tctatttcaa tactatttct acttcatttt	180
tcacgttttt aacatctttc tttatttctt gtccacttcg tttagggatg cctaagtgtcc	240
caaatttcat ctctcgtagt aacacaaaac caatgtaatg ctacttctct ctacattttt	300
aatacaaata aagtgaacaa aaatatctat aaataaaca atatatatat ttgttagac	360
gctgtctcaa cccatcaatt aaaaaatttt gttatatttc tactttacct actaaatttg	420
tttctcatat ttacctttta acccccacaa aaaaaatta taaaaaagaa agaaaaaagc	480
taaaccttat ttaaatagtt aactataaga tcttaaaatt atcctcatca gtgtatagtt	540
taattgggta ttaacttata acattatata tctatgacat atactctctc ctagctattt	600
ctcacatttt ttaacttaag aaaatagtca taacatagtc taaaattcaa acatccacat	660
gctctaattt gattaacaaa aggttagaaa tatttattta aataaaaaag actaataaat	720
atataaaatg aatgttcata cgcagaccca tttagagatg agtatgcttt cacatgctga	780
gattattttc aaaactaagg ttgtagcaat attaaatcaa taaaattatt ataaataaca	840
aaattaacct gctcgtgttt gctgtatatg ggaggctaca aaataaatta aactaaagat	900
gattatgttt tagacatttt ttctatctgt attagtttat acatattaat tcaggagctg	960
cacaacccaa ttctattttc gttccttggg ggctgggttt ctcaacaggt tcaatagtca	1020
atattagggt ttattggact ttaataagta tcaaacaaat ctatgtgtga acttaaaaat	1080
tgtagtaaat atttagggta acctgttgcc gtttttagaa taatgtttct tcttaataca	1140
cgaaagcgta ttgtgtattc attcatttgg cgctccacat gcttcggttg gctcgtttta	1200
gtctctgcct tctttgtata ttgtactccc cctcttctta tgccacgtgt tctgagctta	1260
acaagccacg ttgcgtgcca ttgccaacaa agtcatttta acttcacaag gtccgatttg	1320
acctccaaaa caacgacaag tttccgaaca gtcgcgaaga tcaagggtat aatcgtcttt	1380

ttgaattcta tttctcttta tttaaatagtc cctctcgtgt gatagttttt aaaagatttt 1440
taaaacgtag ctgctgttta agtaaatccc agtccttcag tttgtgcttt tgtgtgtttt 1500
gtttctctga ttacggaat ttggaaataa ttctaagctt 1540

(12) NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES
PATENTWESENS (PCT) VERÖFFENTLICHTE INTERNATIONALE ANMELDUNG

(19) Weltorganisation für geistiges Eigentum
Internationales Büro



(43) Internationales Veröffentlichungsdatum
3. März 2005 (03.03.2005)

PCT

(10) Internationale Veröffentlichungsnummer
WO 2005/019460 A3

(51) Internationale Patentklassifikation⁷: C12N 15/82

(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/EP2004/008624

(22) Internationales Anmeldedatum:
31. Juli 2004 (31.07.2004)

(25) Einreichungssprache: Deutsch

(26) Veröffentlichungssprache: Deutsch

(30) Angaben zur Priorität:
PCT/EP/03/09102 18. August 2003 (18.08.2003) EP
PCT/EP/03/09107 18. August 2003 (18.08.2003) EP
PCT/EP/03/09105 18. August 2003 (18.08.2003) EP
PCT/EP/03/09106 18. August 2003 (18.08.2003) EP
PCT/EP/03/09109 18. August 2003 (18.08.2003) EP
PCT/EP/03/09101 18. August 2003 (18.08.2003) EP
10 2004 007 623.5
17. Februar 2004 (17.02.2004) DE

(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten mit Ausnahme von
US): SUNGENE GMBH & CO. KGAA [DE/DE]; Cor-
rensstr. 3, 06466 Gatersleben (DE).

(72) Erfinder; und

(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SAUER, Matt
[DE/DE]; Markt 9, 06484 Quedlinburg (DE).
SCHOPFER, Christel, Renate [DE/DE]; Konvent
38, 06484 Quedlinburg (DE). FLACHMANN, Ralf
[DE/DE]; Halberstädter Str. 20a, 06484 Quedlinburg
(DE). HERBERS, Karin [DE/DE]; Am Hange 6, 06484
Quedlinburg (DE). KUNZE, Irene [DE/DE]; Mühlenweg
11, 06466 Gatersleben (DE). KLEBSATTEL, Martin
[DE/DE]; Weingarten 9, 06484 Quedlinburg (DE). LUCK,

Thomas [DE/DE]; Holzmühlstr.7, 67435 Neustadt (DE).
VOESTE, Dirk [DE/DE]; Berliner Platz 11, 67117 Lim-
burgerhof (DE). PFEIFFER, Angelika-Maria [DE/DE];
Hundertmorgenstr. 50, 67134 Birkenheide (DE).

(74) Anwalt: MECHNICH, Oliver; BASF Aktiengesellschaft,
67056 Ludwigshafen (DE).

(81) Bestimmungsstaaten (soweit nicht anders angegeben, für
jede verfügbare nationale Schutzrechtsart): AE, AG, AL,
AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BW, BY, BZ, CA, CH,
CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DZ, EC, EE, EG, ES,
FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE,
KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD,
MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NA, NI, NO, NZ, OM, PG,
PH, PL, PT, RO, RU, SC, SD, SE, SG, SK, SL, SY, TJ, TM,
TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VC, VN, YU, ZA, ZM,
ZW.

(84) Bestimmungsstaaten (soweit nicht anders angegeben, für
jede verfügbare regionale Schutzrechtsart): ARIPO (BW,
GH, GM, KE, LS, MW, MZ, NA, SD, SL, SZ, TZ, UG,
ZM, ZW), eurasisches (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU,
TJ, TM), europäisches (AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE, DK,
EE, ES, FI, FR, GB, GR, HU, IE, IT, LU, MC, NL, PL, PT,
RO, SE, SI, SK, TR), OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA,
GN, GQ, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

Veröffentlicht:

— mit internationalem Recherchenbericht
— vor Ablauf der für Änderungen der Ansprüche geltenden
Frist; Veröffentlichung wird wiederholt, falls Änderungen
eintreffen

(88) Veröffentlichungsdatum des internationalen
Recherchenberichts: 21. Juli 2005

[Fortsetzung auf der nächsten Seite]

(54) Title: PROMOTERS FOR THE EXPRESSION OF GENES IN TAGETES

(54) Bezeichnung: PROMOTOREN ZUR EXPRESSION VON GENEN IN TAGETES

(57) Abstract: The invention relates to the use of promoters selected from the group including A) EPSPS promoter, B) B-gene promoter, C) PDS promoter and D) CHRC promoter for the expression, preferably for the flower-specific expression, of genes in plants of the species Tagetes. The invention also relates to the genetically modified plants of the species Tagetes and to a method for producing biosynthetic products by cultivation of the genetically modified plants.

(57) Zusammenfassung: Die vorliegende Erfindung betrifft die Verwendung von Promotoren ausgewählt aus der Gruppe A) EPSPS Promotor, B) B-Gene Promotor, C) PDS Promotor und D) CHRC Promotor zur Expression, vorzugsweise zur blütenspezifischen Expression von Genen in Pflanzen der Gattung Tagetes, die genetisch veränderten Pflanzen der Gattung Tagetes sowie ein Verfahren zur Herstellung von biosynthetischen Produkten durch Kultivierung der genetisch veränderten Pflanzen.



WO 2005/019460 A3



Zur Erklärung der Zweibuchstaben-Codes und der anderen Abkürzungen wird auf die Erklärungen ("Guidance Notes on Codes and Abbreviations") am Anfang jeder regulären Ausgabe der PCT-Gazette verwiesen.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/EP2004/008624

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

IPC 7 C12N15/82

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 7 C12N

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

EPO-Internal, WPI Data, PAJ, EMBASE, BIOSIS, FSTA, Sequence Search, EMBL

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	WO 00/32788 A (HANSENS LAB) 8 June 2000 (2000-06-08) page 8, line 4 - line 10 page 18, line 12 - line 29 page 22, line 30 - page 23, line 3	1-4,8-18
P,X	DE 102 53 112 A (SUNGEE GMBH & CO KGAA) 3 June 2004 (2004-06-03) '0174!', '0135!'-'0136! '0165! Erfindung 1, Erfindung 3, Erfindung 4	1-4,6, 8-18
A	-& EP 0 524 910 A (SANDOZ LTD ; SANDOZ AG (DE)) 27 January 1993 (1993-01-27) page 3, line 36 - page 4, line 13 page 4, line 29 - line 41 ----- -/--	1-4,8-18

☒ Further documents are listed in the continuation of box C.

☒ Patent family members are listed in annex.

* Special categories of cited documents :

- *A* document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
- *E* earlier document but published on or after the international filing date
- *L* document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
- *O* document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
- *P* document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

- *T* later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
- *X* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
- *Y* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.
- *G* document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

27 April 2005

Date of mailing of the international search report

17.05.2005

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

Schönwasser, D

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No.
PCT/EP2004/008624

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
Y	BENFEY P N ET AL: "SEQUENCE REQUIREMENTS OF THE 5 ENOLPYRUVYLSHIKIMATE-3-PHOSPHATE SYNTHASE 5'-UPSTREAM REGION FOR TISSUE-SPECIFIC EXPRESSION IN FLOWERS AND SEEDLINGS" PLANT CELL, vol. 2, no. 9, 1990, pages 849-856, XP008040524 ISSN: 1040-4651 Erfindung 1 the whole document	1-4,8-18
Y	-& DATABASE EMBL 'Online! 13 September 1990 (1990-09-13), "Petunia 5-enolpyruvylshikimate-3-phosphate synthase (EPSP synthase) gene, 5' end." XP002311157 Database accession no. M37029	1-4,8-18
Y	WO 98/14465 A (COLORADO STATE UNIVERSITY THRO (US)) 9 April 1998 (1998-04-09) Erfindung 1 page 12, line 3 - page 13, line 12	1-4,8-18
Y	WO 00/66747 A (ZENECA LTD (GB)) 9 November 2000 (2000-11-09) Erfindung 1 page 2, line 30 - page 3, line 16 page 7, line 1 - line 27	1-4,8-18
Y	WO 02/061050 A (UNIV MARYLAND) 8 August 2002 (2002-08-08) Erfindung 1 page 18, line 13 - page 19, line 3	1-4,8-18
A	BENFEY P N ET AL: "REGULATED GENES IN TRANSGENIC PLANTS" SCIENCE, AMERICAN ASSOCIATION FOR THE ADVANCEMENT OF SCIENCE,, US, vol. 244, 1989, pages 174-181; XP001183154 ISSN: 0036-8075 the whole document	1-4,8-18
X	WO 00/08920 A (YISSUM RESEARCH AND DEVELOPMENT COMPANY OF THE HEBREW UNIVERSITY OF JE) 24 February 2000 (2000-02-24) Erfindung 2 page 3, line 8 - line 18; sequence 9 page 5, line 15 - line 19 page 5, line 35 - line 37 page 7, line 5 - line 10 page 11, line 34 - page 12, line 8	1-3,5, 8-18
	-/-	

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/EP2004/008624

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category °	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	RONEN GIL ET AL: "An alternative pathway to beta-carotene formation in plant chromoplasts discovered by map-based cloning of Beta and old-gold color mutations in tomato" PROCEEDINGS OF THE NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES OF USA, NATIONAL ACADEMY OF SCIENCE. WASHINGTON, US, vol. 97, no. 20, 26 September 2000 (2000-09-26), pages 11102-11107, XP002183691 ISSN: 0027-8424 cited in the application Erfindung 2	1-3,5, 8-18
X	EP 1 323 825 A (ENEA ENTE PER LE NUOVE TECNOLOGIE; BIOGEN S.R.L.) 2 July 2003 (2003-07-02) Erfindung 3 '0027!-'0032!;'0038!;'0049!	1-3,6, 8-18
X	CORONA V ET AL: "REGULATION OF A CAROTENOID BIOSYNTHESIS GENE PROMOTER DURING PLANT DEVELOPMENT" PLANT JOURNAL, BLACKWELL SCIENTIFIC PUBLICATIONS, OXFORD, GB, vol. 9, no. 4, 1996, pages 505-512, XP001121457 ISSN: 0960-7412 Erfindung 3	1-3,6, 8-18
P,X	DE 102 38 978 A1 (SUNGENE GMBH & CO. KGAA) 4 March 2004 (2004-03-04) Erfindung 3	1-3,6, 8-18
P,X	DE 102 38 979 A1 (SUNGENE GMBH & CO. KGAA) 26 February 2004 (2004-02-26) Erfindung 3, 4 '0001!;'0067!;'0085!;'0164!;'0200!;'0209!	1-3,6-18
P,X	DE 102 38 980 A1 (SUNGENE GMBH & CO KGAA 'DE!) 4 March 2004 (2004-03-04) Erfindung 4 Beispiel 14, bes. '024!;'0434!-'0435!, '0400!-'0442!, example 11	1-3,7-18
X	WO 98/24300 A (YISSUM RESEARCH DEVELOPMENT COMPANY OF THE HEBREW) 11 June 1998 (1998-06-11) Erfindung 4 sequence 10	1-3,7-18
P,X	WO 2004/027069 A (SUNGENE GMBH & CO KGAA 'DE) 1 April 2004 (2004-04-01) Erfindung 4 page 47, line 1 - line 7; example 6	1-3,7-18
	-/--	

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No
PCT/EP2004/008624

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	<p>WO 99/61399 A (THE UNIVERSITY OF MARYLAND) 2 December 1999 (1999-12-02) Erfindungen 2-4 page 8, line 21 - line 29 -----</p>	1-18

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/EP2004/008624

Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:

2. ☐ Claims Nos.:
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:

3. ☐ Claims Nos.:
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

see supplemental sheet

1. ☒ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:

4. ☐ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:

Remark on Protest

- ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.
☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.

The International Searching Authority has determined that this international application contains multiple (groups of) inventions, namely

1. Claims 1-3, 8-18 (in part), 4 (in full)

use of an EPSPS promoter, genetically modified plants of the genus *Tagetes* as well as method of preparing biosynthetic products.

2. Claims 1-3, 8-18 (in part), 5 (in full)

use of a B gene promoter, genetically modified plants of the genus *Tagetes* as well as method of preparing biosynthetic products.

3. Claims 1-3, 8-18 (in part), 6 (in full)

use of a PDS promoter, genetically modified plants of the genus *Tagetes* as well as method of preparing biosynthetic products.

4. Claims 1-3, 8-18 (in part), 7 (in full)

use of a CHRC promoter, genetically modified plants of the genus *Tagetes* as well as method of preparing biosynthetic products.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No

PCT/EP2004/008624

Patent document cited in search report		Publication date	Patent family member(s)	Publication date
WO 0032788	A	08-06-2000	US 6232530 B1	15-05-2001
			AU 1503000 A	19-06-2000
			WO 0032788 A2	08-06-2000
			EP 1137782 A2	04-10-2001
			JP 2002531094 T	24-09-2002
			PL 348454 A1	20-05-2002
DE 10253112	A	03-06-2004	DE 10253112 A1	03-06-2004
			AU 2003253416 A1	11-03-2004
			AU 2003258623 A1	11-03-2004
			AU 2003260423 A1	11-03-2004
			AU 2003260424 A1	11-03-2004
			AU 2003264062 A1	11-03-2004
			AU 2003287944 A1	29-03-2004
			WO 2004018693 A2	04-03-2004
			WO 2004018385 A2	04-03-2004
			WO 2004018694 A2	04-03-2004
			WO 2004018695 A2	04-03-2004
			WO 2004017749 A2	04-03-2004
			WO 2004022765 A2	18-03-2004
EP 0524910	A	27-01-1993	AU 2051492 A	28-01-1993
			CA 2074541 A1	26-01-1993
			EP 0524910 A2	27-01-1993
			JP 5227978 A	07-09-1993
			NZ 243694 A	23-12-1993
			ZA 9205599 A	24-01-1994
WO 9814465	A	09-04-1998	US 5824875 A	20-10-1998
			AU 4892997 A	24-04-1998
			CA 2267074 A1	09-04-1998
			EP 0961777 A1	08-12-1999
			WO 9814465 A1	09-04-1998
			US 6184449 B1	06-02-2001
			US 2002083484 A1	27-06-2002
			US 6723839 B1	20-04-2004
WO 0066747	A	09-11-2000	AU 4133900 A	17-11-2000
			BR 0010069 A	22-01-2002
			CA 2365591 A1	09-11-2000
			CN 1359423 A	17-07-2002
			CZ 20013856 A3	17-04-2002
			EP 1173581 A1	23-01-2002
			WO 0066747 A1	09-11-2000
			HU 0201018 A2	29-07-2002
			JP 2003523173 T	05-08-2003
			MX PA01010922 A	24-06-2003
			PL 356648 A1	28-06-2004
			US 2003079246 A1	24-04-2003
			ZA 200108766 A	24-01-2003
			AU 4133100 A	17-11-2000
			BR 0010169 A	05-02-2002
			CA 2365590 A1	09-11-2000
			CN 1359422 A	17-07-2002
			CZ 20013859 A3	17-04-2002
			EP 1173580 A1	23-01-2002
			WO 0066746 A1	09-11-2000
			HU 0201013 A2	29-07-2002

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No

PCT/EP2004/008624

Patent document cited in search report		Publication date	Patent family member(s)	Publication date
WO 0066747	A		JP 2003527080 T MX PA01010930 A PL 354925 A1 US 2003049814 A1	16-09-2003 30-06-2003 22-03-2004 13-03-2003
WO 02061050	A	08-08-2002	WO 02061050 A2 US 2004171822 A1	08-08-2002 02-09-2004
WO 0008920	A	24-02-2000	US 6252141 B1 AU 5480499 A EP 1104985 A1 WO 0008920 A1	26-06-2001 06-03-2000 13-06-2001 24-02-2000
EP 1323825	A	02-07-2003	IT RM20010670 A1 EP 1323825 A2	09-05-2003 02-07-2003
DE 10238978	A1	04-03-2004	AU 2003253416 A1 AU 2003258623 A1 AU 2003260423 A1 AU 2003260424 A1 AU 2003264062 A1 WO 2004018693 A2 WO 2004018385 A2 WO 2004018694 A2 WO 2004018695 A2 WO 2004017749 A2	11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004
DE 10238979	A1	26-02-2004	AU 2003250193 A1 AU 2003253416 A1 AU 2003258622 A1 AU 2003258623 A1 AU 2003260423 A1 AU 2003260424 A1 AU 2003264062 A1 WO 2004027069 A1 WO 2004018688 A1 WO 2004018693 A2 WO 2004018385 A2 WO 2004018694 A2 WO 2004018695 A2 WO 2004017749 A2	08-04-2004 11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 01-04-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004
DE 10238980	A1	04-03-2004	AU 2003253416 A1 AU 2003258622 A1 AU 2003258623 A1 AU 2003260423 A1 AU 2003260424 A1 AU 2003264062 A1 AU 2003287944 A1 WO 2004018688 A1 WO 2004018693 A2 WO 2004018385 A2 WO 2004018694 A2 WO 2004018695 A2 WO 2004017749 A2 WO 2004022765 A2	11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 29-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 18-03-2004
WO 9824300	A	11-06-1998	AU 5133598 A	29-06-1998

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No

PCT/EP2004/008624

Patent document cited in search report		Publication date	Patent family member(s)	Publication date
WO 9824300	A		EP 0998189 A1	10-05-2000
			WO 9824300 A1	11-06-1998
			JP 2002516567 T	04-06-2002
			US 6551793 B1	22-04-2003
WO 2004027069	A	01-04-2004	DE 10238979 A1	26-02-2004
			AU 2003250193 A1	08-04-2004
			AU 2003253416 A1	11-03-2004
			AU 2003258622 A1	11-03-2004
			AU 2003258623 A1	11-03-2004
			AU 2003260423 A1	11-03-2004
			AU 2003260424 A1	11-03-2004
			AU 2003264062 A1	11-03-2004
			WO 2004027069 A1	01-04-2004
			WO 2004018688 A1	04-03-2004
			WO 2004018693 A2	04-03-2004
			WO 2004018385 A2	04-03-2004
			WO 2004018694 A2	04-03-2004
			WO 2004018695 A2	04-03-2004
			WO 2004017749 A2	04-03-2004
WO 9961399	A	02-12-1999	US 2002086380 A1	04-07-2002
			AU 4308499 A	13-12-1999
			BR 9911597 A	13-02-2001
			CA 2329156 A1	02-12-1999
			EP 1080057 A1	07-03-2001
			JP 2002516077 T	04-06-2002
			MX PA00011580 A	17-10-2002
			WO 9961399 A1	02-12-1999
			US 2003220405 A1	27-11-2003

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/EP2004/008624

A. KLASSIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES
IPK 7 C12N15/82

Nach der Internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK

B. RECHERCHIERTE GEBIETE

Recherchiertes Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)
IPK 7 C12N

Recherchierte aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen

Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

EPO-Internal, WPI Data, PAJ, EMBASE, BIOSIS, FSTA, Sequence Search, EMBL

C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Beitr. Anspruch Nr.
A	WO 00/32788 A (HANSENS LAB) 8. Juni 2000 (2000-06-08) Seite 8, Zeile 4 - Zeile 10 Seite 18, Zeile 12 - Zeile 29 Seite 22, Zeile 30 - Seite 23, Zeile 3	1-4, 8-18
P, X	DE 102 53 112 A (SUNGENE GMBH & CO KGAA) 3. Juni 2004 (2004-06-03) '0174!', '0135!' - '0136! '0165!' Erfindung 1, Erfindung 3, Erfindung 4	1-4, 6, 8-18
A	-& EP 0 524 910 A (SANDOZ LTD ; SANDOZ AG (DE)) 27. Januar 1993 (1993-01-27) Seite 3, Zeile 36 - Seite 4, Zeile 13 Seite 4, Zeile 29 - Zeile 41 ----- -/-	1-4, 8-18

☒ Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen

☒ Siehe Anhang Patentfamilie

* Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen :

A Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist.

E älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist

L Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)

O Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht

P Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist

T Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist

X Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden

Y Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist

G Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist

Datum des Abschlusses der internationalen Recherche

27. April 2005

Absendedatum des internationalen Recherchenberichts

17. 05. 2005

Name und Postanschrift der internationalen Recherchenbehörde
Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Bevollmächtigter Bediensteter

Schönwasser, D

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
Y	BENFEY P N ET AL: "SEQUENCE REQUIREMENTS OF THE 5 ENOLPYRUVYLSHIKIMATE-3-PHOSPHATE SYNTHASE 5'-UPSTREAM REGION FOR TISSUE-SPECIFIC EXPRESSION IN FLOWERS AND SEEDLINGS" PLANT CELL, Bd. 2, Nr. 9, 1990, Seiten 849-856, XP008040524 ISSN: 1040-4651 Erfindung 1 das ganze Dokument	1-4,8-18
Y	- & DATABASE EMBL 'Online! 13. September 1990 (1990-09-13), "Petunia 5-enolpyruvylshikimate-3-phosphate synthase (EPSP synthase) gene, 5' end." XP002311157 Database accession no. M37029	1-4,8-18
Y	WO 98/14465 A (COLORADO STATE UNIVERSITY THRO (US)) 9. April 1998 (1998-04-09) Erfindung 1 Seite 12, Zeile 3 - Seite 13, Zeile 12	1-4,8-18
Y	WO 00/66747 A (ZENECA LTD (GB)) 9. November 2000 (2000-11-09) Erfindung 1 Seite 2, Zeile 30 - Seite 3, Zeile 16 Seite 7, Zeile 1 - Zeile 27	1-4,8-18
Y	WO 02/061050 A (UNIV MARYLAND) 8. August 2002 (2002-08-08) Erfindung 1 Seite 18, Zeile 13 - Seite 19, Zeile 3	1-4,8-18
A	BENFEY P N ET AL: "REGULATED GENES IN TRANSGENIC PLANTS" SCIENCE, AMERICAN ASSOCIATION FOR THE ADVANCEMENT OF SCIENCE,, US, Bd. 244, 1989, Seiten 174-181, XP001183154 ISSN: 0036-8075 das ganze Dokument	1-4,8-18
X	WO 00/08920 A (YISSUM RESEARCH AND DEVELOPMENT COMPANY OF THE HEBREW UNIVERSITY OF JE) 24. Februar 2000 (2000-02-24) Erfindung 2 Seite 3, Zeile 8 - Zeile 18; Sequenz 9 Seite 5, Zeile 15 - Zeile 19 Seite 5, Zeile 35 - Zeile 37 Seite 7, Zeile 5 - Zeile 10 Seite 11, Zeile 34 - Seite 12, Zeile 8 ----- -/--	1-3,5, 8-18

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN		
Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
A	<p>RONEN GIL ET AL: "An alternative pathway to beta-carotene formation in plant chromoplasts discovered by map-based cloning of Beta and old-gold color mutations in tomato"</p> <p>PROCEEDINGS OF THE NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES OF USA, NATIONAL ACADEMY OF SCIENCE. WASHINGTON, US, Bd. 97, Nr. 20, 26. September 2000 (2000-09-26), Seiten 11102-11107, XP002183691 ISSN: 0027-8424 in der Anmeldung erwähnt Erfindung 2</p>	1-3,5, 8-18
X	<p>EP 1 323 825 A (ENEA ENTE PER LE NUOVE TECNOLOGIE; BIOGEN S.R.L.) 2. Juli 2003 (2003-07-02) Erfindung 3 '0027!-'0032!;'0038!;'0049!</p>	1-3,6, 8-18
X	<p>CORONA V ET AL: "REGULATION OF A CAROTENOID BIOSYNTHESIS GENE PROMOTER DURING PLANT DEVELOPMENT"</p> <p>PLANT JOURNAL, BLACKWELL SCIENTIFIC PUBLICATIONS, OXFORD, GB, Bd. 9, Nr. 4, 1996, Seiten 505-512, XP001121457 ISSN: 0960-7412 Erfindung 3</p>	1-3,6, 8-18
P,X	<p>DE 102 38 978 A1 (SUNGENE GMBH & CO. KGAA) 4. März 2004 (2004-03-04) Erfindung 3</p>	1-3,6, 8-18
P,X	<p>DE 102 38 979 A1 (SUNGENE GMBH & CO. KGAA) 26. Februar 2004 (2004-02-26) Erfindung 3, 4 '0001!;'0067!;'0085!;'0164!;'0200!;'0209!</p>	1-3,6-18
P,X	<p>DE 102 38 980 A1 (SUNGENE GMBH & CO KGAA 'DE!) 4. März 2004 (2004-03-04) Erfindung 4 Beispiel 14, bes. '024!;'0434!-'0435!,'0400!-'0442!, Beispiel 11</p>	1-3,7-18
X	<p>WO 98/24300 A (YISSUM RESEARCH DEVELOPMENT COMPANY OF THE HEBREW) 11. Juni 1998 (1998-06-11) Erfindung 4 Sequenz 10</p>	1-3,7-18
P,X	<p>WO 2004/027069 A (SUNGENE GMBH & CO KGAA 'DE) 1. April 2004 (2004-04-01) Erfindung 4 Seite 47, Zeile 1 - Zeile 7; Beispiel 6</p>	1-3,7-18
	-/--	

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
A	WO 99/61399 A (THE UNIVERSITY OF MARYLAND) 2. Dezember 1999 (1999-12-02) Erfindungen 2-4 Seite 8, Zeile 21 - Zeile 29 -----	1-18

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen
PCT/EP2004/008624

Feld II Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erwiesen haben (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1)

Gemäß Artikel 17(2)a) wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt:

1. ☐ Ansprüche Nr.
weil sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich
2. ☐ Ansprüche Nr.
weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich
3. ☐ Ansprüche Nr.
weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgefaßt sind.

Feld III Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 3 auf Blatt 1)

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:

siehe Zusatzblatt

1. ☒ Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche.
2. ☐ Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden könnte, der eine zusätzliche Recherchegebühr gerechtfertigt hätte, hat die Behörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.
3. ☐ Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr.
4. ☐ Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen erfaßt:

Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs

- ☐ Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt.
- ☐ Die Zahlung zusätzlicher Recherchegebühren erfolgte ohne Widerspruch.

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, dass diese internationale Anmeldung mehrere (Gruppen von) Erfindungen enthält, nämlich:

1. Ansprüche: 1-3, 8-18 (teilweise), 4 (vollständig)

Verwendung eines EPSPS Promotors, genetisch veränderte Pflanzen der Gattung Tagetes, sowie Verfahren zur Herstellung von biosynthetischen Produkten.

2. Ansprüche: 1-3, 8-18 (teilweise), 5 (vollständig)

Verwendung eines B-Gene Promotors, genetisch veränderte Pflanzen der Gattung Tagetes, sowie Verfahren zur Herstellung von biosynthetischen Produkten.

3. Ansprüche: 1-3, 8-18 (teilweise), 6 (vollständig)

Verwendung eines PDS Promotors, genetisch veränderte Pflanzen der Gattung Tagetes, sowie Verfahren zur Herstellung von biosynthetischen Produkten.

4. Ansprüche: 1-3, 8-18 (teilweise), 7 (vollständig)

Verwendung eines CHRC Promotors, genetisch veränderte Pflanzen der Gattung Tagetes, sowie Verfahren zur Herstellung von biosynthetischen Produkten.

INTERNATIONALE RESEARCHENBERICHT

Angaben zu Veröffentlichungen, die zur selben Patentfamilie gehören

Internationales Aktenzeichen

PCT/EP2004/008624

Im Recherchenbericht angeführtes Patentdokument	Datum der Veröffentlichung	Mitglied(er) der Patentfamilie	Datum der Veröffentlichung
WO 0032788 A	08-06-2000	US 6232530 B1	15-05-2001
		AU 1503000 A	19-06-2000
		WO 0032788 A2	08-06-2000
		EP 1137782 A2	04-10-2001
		JP 2002531094 T	24-09-2002
		PL 348454 A1	20-05-2002
DE 10253112 A	03-06-2004	DE 10253112 A1	03-06-2004
		AU 2003253416 A1	11-03-2004
		AU 2003258623 A1	11-03-2004
		AU 2003260423 A1	11-03-2004
		AU 2003260424 A1	11-03-2004
		AU 2003264062 A1	11-03-2004
		AU 2003287944 A1	29-03-2004
		WO 2004018693 A2	04-03-2004
		WO 2004018385 A2	04-03-2004
		WO 2004018694 A2	04-03-2004
		WO 2004018695 A2	04-03-2004
		WO 2004017749 A2	04-03-2004
		WO 2004022765 A2	18-03-2004
EP 0524910 A	27-01-1993	AU 2051492 A	28-01-1993
		CA 2074541 A1	26-01-1993
		EP 0524910 A2	27-01-1993
		JP 5227978 A	07-09-1993
		NZ 243694 A	23-12-1993
		ZA 9205599 A	24-01-1994
WO 9814465 A	09-04-1998	US 5824875 A	20-10-1998
		AU 4892997 A	24-04-1998
		CA 2267074 A1	09-04-1998
		EP 0961777 A1	08-12-1999
		WO 9814465 A1	09-04-1998
		US 6184449 B1	06-02-2001
		US 2002083484 A1	27-06-2002
		US 6723839 B1	20-04-2004
WO 0066747 A	09-11-2000	AU 4133900 A	17-11-2000
		BR 0010069 A	22-01-2002
		CA 2365591 A1	09-11-2000
		CN 1359423 A	17-07-2002
		CZ 20013856 A3	17-04-2002
		EP 1173581 A1	23-01-2002
		WO 0066747 A1	09-11-2000
		HU 0201018 A2	29-07-2002
		JP 2003523173 T	05-08-2003
		MX PA01010922 A	24-06-2003
		PL 356648 A1	28-06-2004
		US 2003079246 A1	24-04-2003
		ZA 200108766 A	24-01-2003
		AU 4133100 A	17-11-2000
		BR 0010169 A	05-02-2002
		CA 2365590 A1	09-11-2000
		CN 1359422 A	17-07-2002
		CZ 20013859 A3	17-04-2002
		EP 1173580 A1	23-01-2002
		WO 0066746 A1	09-11-2000
		HU 0201013 A2	29-07-2002

INTERNATIONALE RECHERCHENBERICHT

Angaben zu Veröffentlichungen, die zur selben Patentfamilie gehören

Internationales Aktenzeichen

PCT/EP2004/008624

Im Recherchenbericht angeführtes Patentdokument	Datum der Veröffentlichung	Mitglied(er) der Patentfamilie	Datum der Veröffentlichung
WO 0066747 A		JP 2003527080 T MX PA01010930 A PL 354925 A1 US 2003049814 A1	16-09-2003 30-06-2003 22-03-2004 13-03-2003
WO 02061050 A	08-08-2002	WO 02061050 A2 US 2004171822 A1	08-08-2002 02-09-2004
WO 0008920 A	24-02-2000	US 6252141 B1 AU 5480499 A EP 1104985 A1 WO 0008920 A1	26-06-2001 06-03-2000 13-06-2001 24-02-2000
EP 1323825 A	02-07-2003	IT RM20010670 A1 EP 1323825 A2	09-05-2003 02-07-2003
DE 10238978 A1	04-03-2004	AU 2003253416 A1 AU 2003258623 A1 AU 2003260423 A1 AU 2003260424 A1 AU 2003264062 A1 WO 2004018693 A2 WO 2004018385 A2 WO 2004018694 A2 WO 2004018695 A2 WO 2004017749 A2	11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004
DE 10238979 A1	26-02-2004	AU 2003250193 A1 AU 2003253416 A1 AU 2003258622 A1 AU 2003258623 A1 AU 2003260423 A1 AU 2003260424 A1 AU 2003264062 A1 WO 2004027069 A1 WO 2004018688 A1 WO 2004018693 A2 WO 2004018385 A2 WO 2004018694 A2 WO 2004018695 A2 WO 2004017749 A2	08-04-2004 11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 01-04-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004
DE 10238980 A1	04-03-2004	AU 2003253416 A1 AU 2003258622 A1 AU 2003258623 A1 AU 2003260423 A1 AU 2003260424 A1 AU 2003264062 A1 AU 2003287944 A1 WO 2004018688 A1 WO 2004018693 A2 WO 2004018385 A2 WO 2004018694 A2 WO 2004018695 A2 WO 2004017749 A2 WO 2004022765 A2	11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 11-03-2004 29-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 04-03-2004 18-03-2004
WO 9824300 A	11-06-1998	AU 5133598 A	29-06-1998

INTERNATIONALE RECHERCHENBERICHT

Angaben zu Veröffentlichungen, die zur selben Patentfamilie gehören

Internationales Aktenzeichen

PCT/EP2004/008624

Im Recherchenbericht angeführtes Patentdokument	Datum der Veröffentlichung	Mitglied(er) der Patentfamilie	Datum der Veröffentlichung
WO 9824300 A		EP 0998189 A1	10-05-2000
		WO 9824300 A1	11-06-1998
		JP 2002516567 T	04-06-2002
		US 6551793 B1	22-04-2003
WO 2004027069 A	01-04-2004	DE 10238979 A1	26-02-2004
		AU 2003250193 A1	08-04-2004
		AU 2003253416 A1	11-03-2004
		AU 2003258622 A1	11-03-2004
		AU 2003258623 A1	11-03-2004
		AU 2003260423 A1	11-03-2004
		AU 2003260424 A1	11-03-2004
		AU 2003264062 A1	11-03-2004
		WO 2004027069 A1	01-04-2004
		WO 2004018688 A1	04-03-2004
		WO 2004018693 A2	04-03-2004
		WO 2004018385 A2	04-03-2004
		WO 2004018694 A2	04-03-2004
		WO 2004018695 A2	04-03-2004
		WO 2004017749 A2	04-03-2004
WO 9961399 A	02-12-1999	US 2002086380 A1	04-07-2002
		AU 4308499 A	13-12-1999
		BR 9911597 A	13-02-2001
		CA 2329156 A1	02-12-1999
		EP 1080057 A1	07-03-2001
		JP 2002516077 T	04-06-2002
		MX PA00011580 A	17-10-2002
		WO 9961399 A1	02-12-1999
		US 2003220405 A1	27-11-2003

THIS PAGE BLANK (USPTO)